

	aGATTTACCT GTTGTCGCAC ATAACGCGGC ATTTGATATG AACGTCTTAC ATCAAAGCAT	900
	TCAAAATATT GGTTTACCAA CTCCAAATTT AACTTACTTT TGTAGTTATC AACTTGCTAA	960
5	AAGAACCGTT GATTCGTATC GATACGGTTT AAAACATATG ATGGAGTTTT ATCAATTAGA	1020
	TTTTCATGGT CATCATGATG CATTGAATGA TGCCAAAGCA TGCGCAATGA TTACTTTTAG	1080
	GCTACTGAAA AATTATGAAA ATTTAACATA TGTAACATAAT ATTTATGGTA AAAATCTAAA	1140
10	AGATAAAGGC TAGGACTAAA TAAAATACTC CCTTCAAAAG TAAGCATTGT AAAAATGTAA	1200
	ACTTTCAGG GAGCTTTATT TTATATAAAG TCATATATCG TCATATTTTT ATAAGTTGAT	1260
	TGTTCTAAAT TACCTACAGT GACACCAATA AGTCGAATTG GTACATCAGG GTCTTTTAAA	1320
15	TCGTTATAAA GTAAATATGC AATATTATAA ATATCTTCTT CAGAACTAAC CGAATCTCTT	1380
	AAACTCATCT GTTTAGATAG CGTTTCAAAT TGATAAGTTT TAATTTTAAAC CGTTACAGTT	1440
	TTAGCTGACT TCTGTAATTT ATTTAGACGT TCAGCTGTTT TACCTGnACA ATTCCCATAC	1500
20	TTTTCTTAAA ATCTCTTCAT CATCATTACG GTCTGTTGCA AATGTGCGTT CAGTCCCTAC	1560
	TGATTTTCTT ACTCTTGATG ATTTCACTTC ACTATGGTCA ATACCGCGTG CCTTGTTATA	1620
	TAAACCCCGA CCTCTTTTTT CAAACAAACG TATTAATTCA AATTCCGTTT TCTCATATAA	1680
25	ATCTCTACCG TTAAAAATAC CATTATCATG CATTACTTTT TTGGAAGCTT TACCTACGCC	1740
	TGGaAAATCT CCAATATCCA ATGTCATCAA AATATCATGG aCATTTTGAT AATCAATCAC	1800
30	AGTCATACCA TCAGGTTTAT TCATACCACT CGCTAATTTA GCTAAAAATT TGTTATAAGA	1860
	AACACCTGCA GATGCTGTTA AATGTGTCTG CTCTAGAATA TCTTTTCTAA TATACTGAGC	1920
	AATTTTCGAA GCAGGAAGGT CTGGTCTCAC TAATTCTGTA ATATCTAAAT ACGCTTCATC	1980
35	CAATGACATC GGTTCACCT TATCTGTATA ACTTCGGAAA ATAGACATAA TCTGCGCAGA	2040
	TGTTTCTCGG TAAGCACCAA AATTACTTGT GACAAAGTAT CCATTGAGAC ATAATTTATG	2100
	CGCTTGAGAC ATAGGCATTG CTGAATGGAC GCCGTATTTT CGTGCTTCAT AGGATGCCGT	2160
40	AGAGACAACA CCCCTACTGC TTGCTTTACC ACCAACAATG ACTGGTTTCC CTTTCAATTT	2220
	GGGGTTATCT CTCATTTTGA CTTGTGCAAA AAAATAGTCC ATATCTATAT GAATAATTCG	2280
	TCTCTCAGTC AAGTGCTCAC CTCCCTACTA ATTTTACTT TTATAACGCA CAAAAATATC	2340
45	TCAACATAAT TATACGCTGT GTACGATTTT TTTACATAAA TCTTGCACTT AGCGATAACT	2400
	ATATTGaGAT AACTACAAGT TGTTATaAAA TCAATTGCTA TTTAAGCATG ATGATGAAGA	2460
50	CGATTGAGTA AGAAAACATA GGTAATCTGA AATAATTCAA GCAAATTCAT TTTGTTGGTA	2520
	TCATCATATT AAAATTTATT ATTGAGTCGG CTTTGTGATGA TACAAATAAA TACTATCTTC	2580

	AAAGCAATAA GCGGTATGCA TACTAAACAT AAAAATAAGT GATGAATAAC CAAATACCTT	2700
	AATTAAAATA AGCAAGCCAG TACTTAATAG GATTAGTGGT GACAGCATAA TAATTGAGAA	2760
5	TTGCCATTG TTGAAGCAAG CATCTGCTGT TTGGAATAAG ATTCTGTCTT TTTTATATT	2820
	AAACATAGGT TTGCTATCTT TTTTAAATAA AAGAAATAAT GCTCTATGGA TAAGTTCATG	2880
	TAAATCAAT AAAATAATGA ATCCAGCAAA CCCATATACA AGATTGATGA TGATATTTTG	2940
10	ATCGACAACC GCTGTGACAC CTAACGCCCA CTTATACGTA AATAAAATCA CGAATAACGC	3000
	AATAACAAGT TGCAAGATAA TAAACCTTCG CATTTGAAAA TTATTTGTCTG TTAAATCAAT	3060
	TTTATGCATT ACCAACCCTC CCGATCATGA CATTCTTATT CTTCTTTAAA TATAGTATAC	3120
15	AATGTCACAT TTAATTTAAA AAGTTCATAT CAAGAAAGTA AATTGGCTGT AATAAAATTT	3180
	TAATATACGA CTTCCTTCTT CACTTATTAA GCGGAAATTT TATCTCAAAT CATGTGCGCT	3240
	ATTTCAAATT GAATAATGCC ACTGTCTCAA CATGTGTTGT TTGTGGAAAC ATATCTACCG	3300
20	GTGTTACCTC TTCAAGTTGA TATTTTTCAG CTAATAATAA TGCATCACGT TGCTGTGTTG	3360
	CGGGATTACA TGAAATATAG ACAATACGCT TAGGTTCTAA TGTAAGCAAA GTCTGAATAA	3420
	ACGTTTCGTC ACAGCCCTTT CTGGCGGAT CAACCATTAC AACATCTGGT TTAATCCCTT	3480
25	GTGCTTTCCA TTGTAAAATA ACTTCTTCAG CTTTCCCACA GACAAAAGTT GTATTATTGC	3540
	ATTGGTTTAT AGTCGCATTT TGTTGTGCGT CTTCAATTGC AGAAGGTAAT ACTTCAACAC	3600
30	CGTATACATG TTTTGCAAGT GGTGCCATAT ATAGCCCTAT TGTTCCAATA CCACAATAGG	3660
	TATCTAATAC AACTTCATTA CCTGTCAATT GCGCATACTC AATTGCTTTA TTATATAATT	3720
	TCTCTGTTTG TTCAGAATTA ATTTGCTAGA ATGACTGATC ACTTATTTTA AATGTACTAT	3780
35	CTGTTAATTG ATCAATAATT GTATCTTTAC CATATAGCGT TATAGATTGA CGTCCCATAA	3840
	TAACATTAGA GTGGCTATCA TTAATGTTTT GTTTAATGCT TGTCACATTA GGAAATGCAT	3900
	CTAATATCTT CTCAACAACA GCATTTTTTT GTGGCCACTT TTTACCATTA GTTACAAAAA	3960
40	TAATCATCAT TTCGTCTGTA TGATATCCTG TTCTTACAAC CAAATGTCTC ATTAAACCTT	4020
	TTTTCAATTG TTCTTGATAA ATACTTACAT TTAAATCTTT TAAATAGAT TTAACCTCAT	4080
45	TCATCACTTC TTGATGTTGT GAATCTTGTA TTAAACAAC TTCCATGTCA ATAATGTCAT	4140
	GGCTTCTTTG ACGATAAAAG CCCATAATAA CTTCAATTCTG TTCATTCTTA CCAACTGGAA	4200
	TCTGGGACTT GTTTCGATAT CTCCAAGGAT CTGTCATGCC AACTGTATCG TTAATCTTAG	4260
50	AATTATCAAA ATGCGCTTTT CGCTGAAACA AATTAATCAC TTGTTCTTTT TTCATTTCAA	4320
	GTGTGCTTC GTATGATAAG TGTTGAAGTT GGCACCCACC ACAACGTTCA TAATATATAC	4380

55



	AGTTCCTTTT TACTTTGATA ATTTTATATT CAATTTGTTT ATTAATTAAA GCTTGTGGTA	4500
	TGAAAATAGG AAAGCGATCT ATTTTACGA CACCATGGCC TTCATGCGTT AAATCAACAA	4560
5	CTGTTCCCGT TTTTATGTCA TTTTATAGCTA TTGCTTGCAA AATTTTACCT CCAAAATGAA	4620
	CAGGTTAGGA ACAAATTAT GCGCTTCCTA ACCTGCCATT ATATATTTCA CTATTTCTGT	4680
	TTATTCTTCG ATTAAATTGT CATCAACATG ATCATTATTT ATTAACCTCTT CATTTACAAT	4740
10	ATCATTAGGT GCAAAGACAT CTATATGACG TTCTAGATTT AAGAAATTCG CTGGTAATTT	4800
	ACCACCATAT TCTCCATCTA CATTTAGTTG TAAGTCTGTG AATGATGAAA TATTAATTGC	4860
	CTTTGCTTTT TCATAAATAA CTTTAGGATG CTTAGTATGT TCTCCTCTTG AAGCTAAAGT	4920
15	CATAATATGA CCAAGTTCTG CAAGGTTTGA TTTTCAACT ATAATTAACG TAAAATAGCC	4980
	GTCATCTAAC TTAGCGTCCG GCACTAATTT TTCAAATCCT GCCATTGAAT TTGTTAAACC	5040
20	TAAAAGAAT AATAATGCTT CTCCTTGGA AACATTACCA TCATATTCAA TTCTTAAATC	5100
	TACAGCTTTC ATTTGAGGTA ACATTTGAA ACCTTTGATG TAATAAGCAA ATGGACCAAC	5160
	AATAGATTTT AATTTACTCG GTGTTTCATA AGAGACTTGC GTCAATTGTC CGCCTGCAGC	5220
25	TAAATTAATA AAGTATCGAT TATTCATTTT ACCAATATCT ACTTTAGTAG AATGACCTTC	5280
	AATGATGACA TCAAGTGCCC CCATGATGTC ATTAGGTATA TGCAATGCAC GTCCAAAGTC	5340
	ATTAACAGTA CCCATAGGAA TGACACCTAG CTTAGGACGA TTAGGCTTTT CTGCGATACC	5400
30	ATTAACACT TCATTTAATG TTCCATCACC ACCTGCAGCG ATTAATACAT CATAATTTTC	5460
	ATGCATAGCT CTTTCTGCTT CAAGTGTGGC ATCACCTATT TTCTCGGTTG CATATGCACT	5520
	CGTTTCATAT CCCGCTTTTT CTAATTTTAT TAAGGCATCA GGTAATTCTC TTTTAAATAG	5580
35	CTCTTTACCT GATGTCGGGT TATAAATGAT TCTAGCACGT TTCCTCATAT CTTATCCCTC	5640
	TACTTAAAT TCATATATTT TAACTTCATC TTTGTTTCGT CTAATAGGGA GTGGGACAGA	5700
	AATAATATTT AACAAAATTT ATTTCTTCT ACCCCAATT GCATTGTCTG TAGAATTTCC	5760
40	TTTCGAAATT CTCTATGTTG GGGCCCCACC CCAACTTGCA CATTATTGTA AGCTGACAGA	5820
	AAGTCAGCTT CTTTGTTTGG GGGCCCCGCC AACTTGCACA TTATTGTAAG CTGACAGAAA	5880
45	ATCAGCTTCT ATGTTGGGGC CCCACTAGAA TTGAAAAAG CTTGTTACAA GCGTATTTTC	5940
	TTTCAGTCAA CTACAGCCAA TATAACATTG TAGTGCCTAG GACATTGAAT TTATGACCCA	6000
	GGCTCAGTCT TATTTTCATCA TTCTTAATAT CGTTAAAGAC CAACTTGTAT CTTAAACAAA	6060
50	TACTATCTCA ATATGTACAA AGCTTGTTAT TTATTCAGCA TTTTGTGCCG TTCTTCATTA	6120
	TATAGCTTCG TCAGTTATGC TATTTTACCT TTAAATGAT GTTGTAATA TAATGTTGTC	6180

55

	AACGCATTAA TAAAATTAAT ATTTTACCA TTAACATGTA CAATGAATAA AGTTAAAAGT	6300
	AATTTGACTT CTATAGATAT AAATAAACCC TCGATTGCAT CTAAGTCAGC AATCAAGGGT	6360
5	TTATTTTTTA AATCTTCATA GTTTGATGAT TTAAATTATC TTTTATCTAA TTCTTGTTTT	6420
	AATAGTTGAT TTACTAATTG TGGATTAGCT TGACCTTTAG ACGCTTTCAT AATTTGACCA	6480
	ACTAAGAAGC CCATAGCTTT GCCTTTACCA TTTTGTAAAT CTTCAACTGA TTGTTGTTA	6540
10	TTGTCTAATG CTTCAATTTAC AAATTTTAGA AGTGTGCTT CATCAGAAAT TTGAACTAAG	6600
	CCATTATCTT CCATAATCTG TTTAGCATT CCACCTTTAG CTGCTAACTC TGGGAAGACT	6660
	TTCTTCGCAA TTTTACTGCT CATTTGTTCCG TCTTCGATAA GTTTAATCAT ACCTGCTAAA	6720
15	TTTTCTGGTG TTAATTTAGT ATCTAATAAT TCTACTTGAT TTTTATTTAA ATATTCGTTT	6780
	ACGCCACCCA TTAACCAGTT AGATGTTAAT TTAACATCTG CACCGTGTC AATTGTTGAT	6840
	TCAAAGAAAT CTGACATTTT TTTAGTCAAT GTTAATACGT GTGCATCGTA TGCAGGTAAA	6900
20	CCTAATTCAT TTACATACTT AGCTTTACGT TCATCTGGTA ATTCAGGAAT TGTCTGACGA	6960
	ACACGCTCTT TCCAAGCATC ATCAATATAT AAAGGTACAA TGTCAGGCTC TGGGAAGTAA	7020
	CGGTAATCAT CAGAACCTTC TTTAACACGC ATTAAAATTG TTTTACCTGT AGATTCATCA	7080
25	AATCGACGTG TTTCTTGTCG GATTTCTCCA CCATTTAACA ATTCTTCTTC TTGGCGTTTT	7140
	TCTTCATATT CTAAACCTTT ACGTACATAG TTAAATGAGT TTAAGTTTTT CAATTCGGCT	7200
30	TTAGTACCAA ATTTTCTTG ACCATATGGA CGTAAAGAGA TGTTAGCATC ACAACGTAAA	7260
	GATCCCTCTT CCATCTTAAC GTCTGATACA CCAGTGTATT GAATAATTGA ACGCAATTTT	7320
	TCTAAATATG CATATGCTTC TTTAGGTGAA CGAATATCTG GTTCAGATAC GATTTCAATT	7380
35	AGCGGTGTAC CTTGACGGTT CAAGTCAACT AATGAATACT CACCTTTATG TGTTGACTTA	7440
	CCAGCATCTT CTTCCATGTG AAGACGAGTA ATACCGATTC GTTTTGTTTC ACCGTCGACT	7500
	TCGATATCGA TATATCCATT TTCACCAATT GGTGATCAA ATTGAGAAAT TTGATATGCT	7560
40	TTTGGATTAT CTGGATAGAA ATAGTTCTTA CGGTCAAACCT TAGATTCTGT TGCGATTTCC	7620
	ATATTTAGTG CCATTGCAGC ACGCATTGCC CAGTCTACTG CACGCTTATT AACAACTGGT	7680
	AAGACACCTG GATATGCTAA GTCGATAACA TTTGTATTG AGTTAGGTTT TGCTCCAAAA	7740
45	TGCGCTGGTG ATGGAGAAAA CATTTTTGAG TCCGTTTTTA ACTCTACGTG AACTTCAAGT	7800
	CCTATAACTG TTTCAAAATG CATGATTTCC ACTCCTTATA ATTTTTCATA AACGTCATGT	7860
50	AAATTGTATT GTGTTTCATA TTGATAAGCG ACACGATATA ACGTTTTTTC ATCGAATGGT	7920
	TTACCAATGA ACTGTAAACC GATTGGTCGG CCATTTGATT GTCCACAAGG AACAGAAATA	7980

55

	GGATCATCAA TTTCTTCACC TAAATTAAAC GcAGTgTnAG GCGCTGTTGG ACCAACTACT	8100
	ACATCATAAT TTTCGAATAC TTTATCAAAG TCATTTTTAA TCAATGTTCT AACTTTTTGA	8160
5	GATTTTTTAT AGTAAGCATC ATAGTAACCT GAACTTAATG CAAATGTACC TAAGAAAATA	8220
	CGACGTTTTA CTTCTTTACC GAAACCTTCA GATCTTGACA TTTTATATAA TTCTTCTAAT	8280
	GAATGAGCTT CTTTAGAATG ATAACCATAA CGAATTCCGT CAAAACGAGA AAGGTTTGAC	8340
10	GAAGCTTCTG ATGATGCAAT CACGTAATAT GATGGAATAC CAAATTTAGT ATTTGGCAAT	8400
	GATACTTCCT CAACGACAGC ACCTAAAGAT TTTAAAGTTT CTACAGCGTT TTGAACTGCT	8460
	TCTTTTACGT CATCAGCTAC ACCTTCACCT AAGTATTCTT TAGGTAATGC AACTTTTAAT	8520
15	CCTTTAATAT CTTTACCAAT TTCAGATGTA AAGTCTACAT CATCAACTGG TGCACCTGTA	8580
	GAGTCATTAA CATCTGCACC AGAAATAGCT TCTAATACGA TTGCATTATC TTTTACATTT	8640
	CGAGTCAATG GACCAATTTG GTCTAATGAA GATGCAAAAG CAACTAATCC AAATCGAGAT	8700
20	ACACGACCGT ATGTTGGTTT CATACCGACA ACGCCACAAT ATGCAGCCGG TTGTCTAATT	8760
	GAACCACCTG TGTCTGAACC TAAGCTAAAT GGTACTAAGC CAGCTGCAAC TGCTGCTGCA	8820
	GATCCACCTG ATGAACCACC TGGCACTGCT TTATGGTCAA ATGGGTAAAC TGTTTTTTTG	8880
25	AAATAAGATG TTTCTGTTGA ACCACCCATT GCAAACCTCAT CCATATTTAA TTTACCGATT	8940
	AAAACGGCAT TTTCATTATG TAGTTTTTCC ATTACAGTAG ATTCGTAAAT TGGCACAAAA	9000
30	CCTTCTAACA TTTTACTTGC ACATGTTGTT TCTAATCCGT TTGTAATAAT GTTATCTTTT	9060
	ATACCCATTG GAATACCAA TAATTTGCCA TCCATTTGAT CTTTIGCTTG TAATTCATCC	9120
	AATTCCTGCG CTTTTTTGAT TGCATTTTCT TTATCCAGCG CTAGAAAAGA CTTAATTGTT	9180
35	GGATCAGTCT CTTCAATTGC ATCATATATA TCTTTAACAA CATCAGATGG TTTGATTTTT	9240
	TTGTCTTTTA TTAAAGTTAA TAAATTCTCA ACCGATTCGT AGCGAATGCT CATCTTACGC	9300
	GTCCTCCTCA TTCATGATTG TAGGCACTTT AAATTGTCCA TCTTCTGTTT CTTTGGCATT	9360
40	TTTCAAAGCT AATTCCTGTG GAATACCTTT AATTGCTTTA TCTTCACGTA AAACGTTTTG	9420
	TAAATCTAAA ACGTGATATG TAGGTTCAAC GCCTTCTGTA TCAGCGCTAT CATTTTGTTT	9480
45	TGCAAAATCT AAAATGCTTT CTAATGTGTT GGCCATTCTT TCCGTTTCTT CAGGAGAAAT	9540
	TTGAAGTCTT GCAAGATTCG CGATATGCTC AACTTCTTCA CGTGTTACTT TTGTCATTAA	9600
	TAAAAGCCTC CTTTAAGTCA TTCATCACTA AATTGTATCA AATTTCOAAT TAAAAATCTA	9660
50	AGTATTTATG AGGTGCTACT TTAATTCAT ATAACTGTA TAAACATTAT CATTCGTTTA	9720
	TCAAATCATT TTTTATGAAA ACAACACTCT TTTAATATTA GACAACCCAA TTCAATATTA	9780

55

	TATATTGGTA TGCAAGTATT TCAAAAAGAA TAAATTTAAT TTTCCTACTT TTCTAAACAT	9900
	TTATCTTTAT GTATAATGTT TTCAAGTAAC TAAATTATAA ATTAAATAAA GGGAGTGTTT	9960
5	ATCATGCTTA CAATGGGGAC AGCATTAAAGT CAACAAGTAG ATGCCAATTG GCAAACCTTAT	10020
	ATTATGATTG CCGTCTACTT CTTGATACTA ATCGTTATTG GCTTTTACGG TTACAAGCAA	10080
	GCAACTGGTA ACCTAAGCGA GTACATGTTA GGTGGACGTA TATTGGACCG TATATTACTG	10140
10	CATTATCAGC TGGAGCTTCA GATATGAGTG GATGGATGAT TATGGGGCTA CCTGGTTCTG	10200
	TCTATAGCAC TGGTCTATCA GCTATGTGGA TTACAATCGG TTTAACATTA GGTGCTTATA	10260
	TAAATTACTT TGTGTGTGCT CCTAGACTTC GTGTTTATAC CGAATTAGCT GGAGATGCAA	10320
15	TTACATTACC AGATTTCTTT AAAAATCGTT TAAACGATAA AAATAATGTG TTAAAGATTA	10380
	TTTCTGGATT GATTATCGTA GTATTCTTTA CATTATATAC ACATTCTGGT TTCGTATCTG	10440
	GTGGTAAACT ATTTGAAAGT GCTTTTGGAT TAGATTATCA TTTCGGTTTA ATATTAGTTG	10500
20	CTTTCATTGT CATTTTCTAT ACTTTCTTTG GTGGATATTT AGCTGTATCA ATTACAGATT	10560
	TCTTCCAAGG TGTCATTATG TTAATTGCGA TGGTTATGGT CCCTATTGTT GCTATGATGA	10620
25	ATTTAAACGG CTGGGGAACG TTTCATGATG TAGCAGCTAT GAAACCTACA AATTTAAATT	10680
	TATTTAAAGG GTTATCATTT ATAGGAATTA TCTCTCTATT TTCATGGGGA TTAGGTTATT	10740
	TCGGTCAACC TCATATCATT GTAAGGTTTA TGTCTATTAA ATCACACAAG ATGCTACCTA	10800
30	AAGCTAGACG TTTAGGTATT AGCTGGATGG CTGTTGGTTT ATTAGGCGCT GTGGCTGTTG	10860
	GTTTAACAGG TATTGCATTC GTACCTGCTT ATCATATTAA ACTAGAAGAT CCTGAGACAT	10920
	TATTCATCGT GATGAGTCAA GTACTCTTCC ATCCTCTTGT AGGTGGTTTC TTA CTGCTG	10980
35	CGATTCTAGC TGCAATTATG AGCAGGATTT CTTCAACAATT ACTTGTAACA TCTAGTTCAC	11040
	TAA CGGAAGA CTTTATATAA TTAATTCGTG GTGAAGAAAA AGCTAAAACG CACCAAAAAG	11100
	AATTTGTTAT GATTGGAAGA TTATCTGTAT TAGTTGTAGC AATTGTTGCC ATCGCGATTG	11160
40	CATGGAATCC AAACGACACA ATTCTAAACT TAGTAGGTAA CGCTTGGGCC GGATTGTTG	11220
	CATCGTTCAG TCCACTTGTG CTATTTGCAC TTTACTGGAA AGGTTTGACA CGTGCCGGTG	11280
45	CTGTAAGTGG AATGGTTTCA GGTGCCTTAG TCGTTATCGT TTGGATTGCA TGGATTAAAC	11340
	CATTGGCACA TATCAACGAA ATATTCGGCT TATATGAAAT TATTCCTGGA TTTATTGTAA	11400
	GTGTAATCGT TACATATGTT GTAAGTAAAC TFACTAAAA ACCTGGTGCA TTTGTTGAAA	11460
50	CTGACTTAAA CAAAGTTCGT GACATCGTTA GAGAAAAATA ATTCATAAGT CTTAACAAAT	11520
	TAAAAAGGTA CTAATGTTAA TCAAAATTAT GACTAACATT GGTACCTTTT TATTATCTTT	11580

55

	AATTAAAGCA CGTGGTTGGT TACCATCTTT AATACGAATT TCATAGTTAT CGATTTTATC	11700
	GAAATATTTA TTCGCTTGTT CAGTAACGTA CTGTGTAATA CCAATTGTTT CAGCTTGTCC	11760
5	ATAGTAATCG ATTGGTAAAT CTACTACTAA TCGTTGTGGC TTTTATCAA CAAATTTAAC	11820
	TTCCCTACT GCTTGTGTGA AATTAGAAAA ATATGATTGC AAATTATCAT TAAATTGCTT	11880
	GAAATTATTA TTTAAATTTT CATCATAATC TGCTGCTGTT GAAGAAGGTA ATAAAGCTGA	11940
10	TTTTTCATTG ATATTATGCC ATTCATTAAAG CTTTGTTTGA CTCTTTTCTG CAGTCGCTTG	12000
	AGTGATAAAT TCACCTGGTG TGATTGAATC TTCACTTGAT TGCTTATAAA TTGCAAAATG	12060
	AATTGGTATA TCTTTTAAAT CATCATTTTC ACGTAACCTT GATAATATCT CACTAGCCAT	12120
15	TTGTTTACCT TGCTTTTAA CTcGCTATCA TCTAGTTTTT TACTAAAAGT CGATCCATCT	12180
	TTTTCTTTTT TATAGTAATA AACACTATTC ATAGCTAAAC CAATCGTCAT ACCTTTAATA	12240
20	TTCTTACCTT TTGTATCTCC ACCACCATAA AAATCTTGCT CTAAAATGTT AGATAAATAG	12300
	GCTGGTGATT TTTCTGCAAT CTTTTCAGGA TCTGTTTCAC CTcCGTGTGA TGGATTAAGT	12360
	CCTAAATTTT CATTCGCTTT CTTGTCTTTT TTATCTTTTT CAGACATTTT ATCGATTTCA	12420
25	CGTTTTGTAT ACTTAGGATT TAAATAGGCA TTAATTGTTT TCTTGTCCAA AAATTGACCA	12480
	TCTTGATACA AATATTTATC TGTGGAAAT ACTTCTTTAC TTAAGTTCAA TAAACCATCT	12540
	TCAAAGTCGC CGCCATTATA ACTATTTGCC ATGTTATCTT GTAAAAGTCC TCTTGCCTGG	12600
30	CTTTCTTTAA ATGGTAACAA TGTACGATAG TTATCACCTT GTACATTTTT ATCCGTTGCA	12660
	ATTTCTTTTA CTTGATTTGA ACTATTGTTA TGTTTTTGAT TATCTTTTCC AGCCTGGTCA	12720
	TCCTTATGGT TACCACAAGC AGCGAGTATA AAGATAGCTG TAATCAATAA TACTAATGTA	12780
35	CGCTTCATCG ACATACCCCT CTAACATTTT AATTCATTTT GCTTATCTAC AAATTGTTGC	12840
	TCTGTCCAAA TTTCAATACC TAAACTTTGT GCTTTTGTTA ATTTTGAACC TGCATCTTCA	12900
	CCAGCAATAA CGACATCTGT ATTTTITAGTA ACGCTACTTG TAACTTTAGC ACCTTGTGAT	12960
40	GCAAGCCATT TAGATGCTTC ATTGCGTGTC ATTTGATGTA GCTTACCAGT CAGTACTATC	13020
	GTTTTACCAC TAAATTCAGG ATGTCCTTCA ATATCTGATG TTTTGATACC TTTATAAATC	13080
45	ATATTAACAT GTTTATCTTT TAATTTTTGA ATTAAAGCAC GAATATCTTC ATTTTCTAAA	13140
	TAAGTAACTA CAGATTGTGC TACTTTATCA CCTATATCAT GAATTTCTAC TAATTCCGCT	13200
	TCAGTTACCG TTAGTAATCG ATCTATCGTT TCATATTTTT CTGCTAACAC TTGGCTCGCT	13260
50	TTAACACCTA AATGCCTAAT ACCTAGACCA AATAATAAAT TTTCTAAAGA GTTGTCCTTA	13320
	GCTTGTTGAA TGGCAGCTAA TAAATTATCA ACTTTTTTCT GCCCCATTCT GTCTAAAGGT	13380

55



TAAAGCTGTT GAATAATTTT AGTGCCTAAA CCATCAATAT TcATGGCTTG TCTTGaTACA 13500  
 AAGTGnATCa ATCctTcAAC AAGTTGTGCT TGGTCATTTT GG 13542

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 155:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1893 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 155:

CAGTAAACAC CTCTGATTAC GAATATTTAT ACATTTATTT TAACACATGC ACTGATTTAC 60  
 GACTACTAAA CACCTTTACG TAAAAAGGGT AAACATGGTT TATCTATCTT GGTTATCTAT 120  
 TTATAAATAT TThTCATATT ACGCATAACA ATTGCTTAAA ATATGTATAA AAATGAATAT 180  
 ATGTGTAATA AACTTGCTAA TTATTAGATT TAATAAGCGT CAATTGTTTG AACATATTtA 240  
 ATTAAAATCA CATTGATATC ACAGATACGA ATATTGTCGT ATAGAAATTG AAAATTCTAT 300  
 TTTTAAATG AAAGTCTTCA ACATAATTTT AAGTTTCAAC ATGAGAAAAA TCGATTAACA 360  
 AACAACTGCA GTTGAATATG CCTTTTGAGA CATTTCAAAC TTTACAATTG TTGCTAATCG 420  
 ATATATTTGC TTTTAGTGAT CCCTGCTATA AAATAAATCA ACGATTTCTA ATAAGTGTTT 480  
 TGTATTGAAT TGTTCACTAA TTTGCGTTAG TTCATCCACT GCTGCGTCTC TATGATAAGT 540  
 CAATTTATCT TCTGCGCCAT CTTTCCCTAA TAAACTCAGG TACGTACTTT TATTATTTTC 600  
 AAGATCGCTG CCCACTTTTT TACCTAACTT TGCTTCATCA CCATAGCAGT CTAATAAATC 660  
 ATCTTTAATC TGGAACATCA TACCTAAATG ATAACTATAA CTTTCTAAAT GTTCTTTAGT 720  
 TGTATCATCG ACATTAGCGA TATCTGCTGC ACTCATAACC GCAAAAGTTA ATAATGCTCC 780  
 TGTTTTTGTT TTGTGTATCA TTTCCAAAGT TTCAAGATCA ATTGGTTGGC CTTGCTTTG 840  
 CATATCTAAC ATTTGACCGC CGACCATTC AACATGACCA CTTGCTATTG ACAGCCGTTG 900  
 TAGAACTTTT ATTTTACTT CATCAGTTAA TCTATCATCA CTTGAAATAA GTTCAAATGC 960  
 TTTAGTTAAT AAAGCATCAC CTGCTAATAT CGCAGTCCAC TCACCATATA CTTTATGATT 1020  
 TGTTAATTTT CCTCGTCGAT AATCATCATT ATCCATCGCT GGTAGGTCAT CATGAATAAG 1080  
 TGAATATGTA TGAATCATTT CTAGTGCAAT TGCCTCTTC ATACCTAACT CATACTCGGT 1140  
 ATTTAGTGAA TCTAAAGTGA GTAATAACAG AACTGGTCGG ATGCGTTTAC CTCCAGCATT 1200  
 TAATGAATAC AACATACTTT CTTCTAGCTG AGTATCCATT ACTGATTTAT TTATCGCAAC 1260

	CATCCTCAGC TTCTTCTTTT ATTAAGTCAT TCACCTTTTT TTCGGCATT TTTAAAGTTG	1380
	TGTCACAAGC TGCTGATAGT TTCATACCAC GTTGATATAA ATCTAATGAT TCCTCTAAAG	1440
5	ATACTGTTTC ATTATCTAAT TTTTGAACAA TTTGCTCTAA TTCTTGCAATC ATTTCTTCAA	1500
	AACTTTGCGT TTCTTTAGTC ATTATTACAC CTTACTTTTCG TAACTTTTGC ATCTACTAAG	1560
	CCATCTTTCA TTGTTAACGT CAATTGATCA TTTTCTGTTA AATCTTTAGT ACTCGTAATG	1620
10	ACTTCGTCTT TTTTATTAAC AATTGCATAT CCACGCAACA TTGTATTAGT TGGACTTAAA	1680
	TTGTTTAAGT TTTCTACTTT ATTTTTCAAA TCATTTTAT AACTTAATAT CTTAGAATTC	1740
	AATAATTTAA CAAGTTGGTT TGTCAATTGA AGATTATnTT GTTGTTCTTG ATTAACACTA	1800
15	CTTAGTAATG CTTTAAATn ATAACGTTGG TGCAACAGCA TTAAATCGAG GCCCCGGTGG	1860
	TCCAAAGTTG CCCGAATTnG TGGTTTCAGG CCC	1893

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 156:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 821 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 156:

30	AAAATATATT CCTTCACTTA ATATTCAATT AGAGAAAAAC ATGGTGATTG TAATATGTTG	60
	TGCAATATTT CTGGGTGTTT TAATACTTTT TTTATTTCTG AATCGTAAGC TAAGGTTGGA	120
	AATTTATAAT AATAACTCTA GTAAAGGGAA AATAATTTTA TTTCTTCAT TAAAAAATT	180
35	TTGTTTCACA ATATTTTATT ATTTTTTATT TGGCGGTCTT TCAATAATGG CTCTAAGTAT	240
	GTTATTAACT TTAAATCCTC AAAATATAAT AGGCTTTATT GGTGTTGGTGG TAATGACTGC	300
	AGGTTTCTTT CTGTTAAACA TGTCATCGAT TATTGACAAA AAAATTTATG TATTATCTAA	360
40	AACTAACACG GTGGAAAAAT GATGGTTTAG CTGGATTAC TGCAGGTTCT ATTTTCGGCAA	420
	TACTTGTATA TTGGACCAAT CAAAAAATG AATTTGGAAT AAAAGATAAA AACGATTGGA	480
45	TAGGACATAA ACTAGACGTT GGTATAGATG CTGTAGAAAA ATCTGCAGAA AAAACAGTAG	540
	ATGGTGTTGA AAATGTCATG GTGAAGCTTC AAAAAGTATT TCTAATCATA TAAGCCCTAA	600
	GAAATGGAGC TGGTAAATGT TGCTATGCGA ATCTAAAATC ATCAATAAAA ACCCAAATA	660
50	TAGAATTATT AAATATAATG ATGAATACTT AATGGTCGAT ATAATAAGCA CTTGGATTAG	720
	TTTATTTTTT CCTTTTATTA ATTGGTTCAT CCCaAAAGaA TACGTCAAAA TTAGTAGAGA	780

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 157:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2343 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 157:

AGTAAGATAA	TTTTCAATTA	GAAAATATCT	TACTGCTGTT	CTCTATTTAT	ACAATACTTC	60
GTATTGAATG	GcTTTCGCTTT	CCTAGGGTGC	CGTCTCAGCC	TTGGTCTTCG	ACTGGCACTG	120
CTCCCTCAGG	AGTCTCGCCA	TTAATACTAC	GTATTAACAT	GTAATTTTAC	TTTGAAATAC	180
TTTTAAAAAA	TAAGACACTT	TGCCCAACTT	GCACATAAAT	GTAAAATTCA	ATAAAATGAA	240
TTTTCTGTGT	TGGGTCCCTT	CTTATAATTT	AATAAATACC	ACTAAACTAA	ATTAACGAGG	300
TGCCTTATGT	ATAAAAATTA	TAACATGCCC	CAACTACACT	ACCAATAGAA	ACTTCTGTTA	360
GAATCCCTCA	AAATGATATT	TCACGATATG	TTAATGAAAT	TGTTGAAACr	ATACCTGATA	420
GCGAATTCGA	TGAATTCAGA	CATCATCGTG	GCGCAACATC	CTATCATCCA	AAAATGATGT	480
TAAAAATCAT	CTTATATGCA	TATACTCAAT	CTGTTTAATT	ATGTTCAAAG	CATTAAGGTA	540
ACAAGACAAT	ATCTAAGATA	TCAAAGATAG	AAATTTTTTG	ACGTTGTTGC	TGATTGTAAA	600
CATAACCATC	AATTTCATAA	TTAATAGCAT	CAATACGATA	AATGGTTAAG	CGTACTGAAT	660
CTACAAAGCC	ATTATTATAA	AATTTAACTT	CTACAGGTTG	GGCATATTGT	AGCGCCTCGT	720
GTAGCCGAAT	GTTTAGCTCA	GCCAATTGAT	CATCTGATAA	TACAGGACGT	GTAATTTTGT	780
TTTGGTCGAT	AATGTATTGT	TGAATCGTTT	CGAATTGTTT	GGGTAATGTT	GCAAAAGGAG	840
CCCATTTAAT	CATGCCTCTT	CCCATAGGTA	TATTGTTATC	TAGTAATTCT	CTTGGAACGT	900
TACGATAATC	AGTTTCTTCT	TCATAACTTG	TCATCCTTAA	TTCACCCCAA	TCTGATAATT	960
ACATTATACG	AACATGTGTT	CTATTTTGCA	ACAAAAATTT	TGTGGaAGCA	TAAACGCGTT	1020
AATAATTAAT	GCTCGTGtAA	GTAAAAAAGA	GGGATTAATT	AAAATCGAAT	AATGaCATAT	1080
CACaGCAAAT	AGTTCTTTTA	AAGTAGTTAA	ATAGTTTTAG	CTTTAAGGAA	aTGATAAaTG	1140
ATTGTWAATT	CTAGCTAAAA	TTTAATAAAA	TGAAAATAAG	ACTAACATGG	AGGGGTAAAA	1200
GTAATGACAA	ATGGATATAT	TGGTTCTTAC	ACTAAAAAGA	ATGGTAAAGG	GATTTATCGT	1260
TTTGAATTAA	ACGAAAATCA	GTCACGTATT	GATTTATTAG	AAACAGGATT	TGAATTAGAA	1320
GCGTCTACAT	ATTGGTGCG	TAATAATGAA	GTTTTATATG	GAATCAACAA	AGAAGGAGAA	1380

TGT TTTGTCTT CAAAAGCTGG TACAGGTTGT TATGTATCGA TTTCAGAAGA TAAACGATAT 1500  
 TTATTTGAAG CCGTATATGG TGCTGGCATC ATACGTATGT ATGAATTAAA TACGCACACA 1560  
 5 GGTGAAATTA TACGTCTAAT TCAAGAACTT GCACATGATT TTCCAACAGG TACACATGAA 1620  
 AGACAAGATC ATCCACACGC ACATTATATT AATCAAACCTC CAGATGGTAA GTACGTTGCA 1680  
 GTAACAGATT TAGGTGCTGA TCGTATCGTT ACTTATAAAT TTGATGACAA CGGGTTTGAA 1740  
 10 TTTTATAAAG AATCTTTATT TAAAGATAGT GATGGGACAA GACATATTGA ATTTTCATGAT 1800  
 AATGGAAAAT TTGCTTATGT CGTACACGAA TTATCAAATA CTGTGAGTGT TGCAGAATAT 1860  
 AATGACGGTA AATTTGAAGA GCTCGAGCGT CATTTAACAA TTCCTGAAAA CTTTGATGGA 1920  
 15 GATACTAAAC TTGcAGCAGT GCGTTTATCT CATGaTCAAC AATTCTTATA TGTATCTAAT 1980  
 AGAGGGCATG ATAGCATTGC AATTTTTTAAA GTTCTTGATA ATGGTCAACA CTTAGAACTA 2040  
 20 GTAACAaTTA CTGAAaGTGG TGGTCAATTC CCAAGAGATT TTAATATTGC CTCATCAGAT 2100  
 GACCyTTTAG TTTgTGCTCA kGaGCaAGGA GATTCAGTTG TAACTGTTTT CGAAAGAAAT 2160  
 AAAGAAACAG GTAAAATTAC GCTATGTGAT AACACTCGTG TAGCATCTGA AGGTGTATGT 2220  
 25 GTCATATTTT AATCTTTAAT TAATCATGAT AAAAAGAAAA CCATGTTTCC AAAAAATTG 2280  
 TGTATACCTT GAAATTTATT GnTTTCCAGn ACATCAATTA TGGGAAGCAT GGnTTATTTT 2340  
 TGT 2343

30 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 158:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 4837 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 35 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

40 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 158:

AAATTGCCAG TTGGTATCGC TTCTGGTGCA GTAGTCGAAG GTTCTTCCA AGGTATCATT 60  
 CCGATTGGCT ATATCGTTAT GATGGCAGTA TTGTTATACA AAATTACTGT TGAATCTGGA 120  
 45 CAATTTTTAA CAATTCAAGA TAGTATTACA AATATTTAC AAGACCAACG TATTCAAGTT 180  
 TTACTTATTG GATTTGCATT CAACGCATTT TTAGAAGGTG CAGCAGGATT TGGTGTACCA 240  
 ATTGCAATTT GTGCACTTTT ATTAACACAA TTAGGATTTA ATCCATTAAA AGCTGCGATG 300  
 50 TTATGTTTAG TCGCAAATGC AGCGTCTGGT GCTTTTGGTG CGATTGGTAT CCCTGTAGGT 360  
 GTTGTAGAAA CGTTGAAATT ACCTGGAGAT GTTTCAGTAT TAGGTGTTTC TCAATCAGCA 420

55

	GGTTTTAGAG GTGTTAAAGA AACATTACCA GCAATTTTAG TAGTTTCAAT CACTTATACA	540
	CTTACTCAAG GATTATTAAC TGTATTCAGT GGACCTGAAT TAGCAGATAT TATTCCACCG	600
5	TTATTAACAA TGTTAGCATT AGCAGTATTT TCTAAAAAAT TCCAACCAAA ACACATTTAT	660
	CGTGTTAATA AAGATGAAGA AATTGAACCT GCAAAAGCAC ATTCTGCAAA AGCAGTATTA	720
	CATGCATGGA GCCCATT CAT TGTATTAACA GTCATTGTAA TGATTGTGGAG TCGGCCATT C	780
10	TTTAAAACT TATTCTTACC AAATGGTGCT TTATCATCAT TAGTATTTAA ATTCAACTTA	840
	CCTGGaACAA TCAGCGAAGT TACGCATAAA CCATTAGTAT TGA CTTTAAA TATTATTGGA	900
	CAAACAGGTA CAGCTATTTT ATTA ACTATT ATTATTACAA TTTTAATGTC TAAAAAGGTT	960
15	AACTTTAAAG ATGCAGGTAG ATTATTCGGC GTTACATTTA AAGAGTTGTG GTTACCAGTT	1020
	CTTACAATTT GTTTCATCTT AGCAATTTCT AAAATCACAA CTTATGGTGG TTTAAGTGCA	1080
	GCAATGGGTC AAGGTATTGC TAAAGCAGGT AATGTCTTCC CAGTTCTATC ACCAATTTTA	1140
20	GGTTGGATAG GTGTGTTTAT GACAGGATCA GTTGTAATA ACAACTCATT ATTTGCACCA	1200
	ATTCAAGCTT CTGTTGCACA ACAAATTGGA ACAAGTGGTT CACTTCTTGT ATCTGCTAAT	1260
	ACAGTTGGTG GTGTAGCGGC AAAATTGATT TCACCACAAT CAATTGCAAT TGCAACTGCA	1320
25	GCAGTAAAC AAGTTGGTAA GGAATCAGAA TTATTA AAAA TGACATTGAA ATACAGTGTA	1380
	TGTTTACTAA TATTCATCTG TATTTGGACT TTCATCTTGT CATTATTATA AAAAAACGTA	1440
30	TTTCAAAATA TAAATATACA GAAGGTGAGA TGTTTTCTAA CATCTCATCT TTTTTTTATG	1500
	GATCATTAAT GAAAGAAGTT TGACATTATA ATAATGGTAG CGCTTTATGT TAAAATGAAT	1560
	AGTGAGTAAT CAGCAATCAA ATTAAATTGG TTGATAGCTG TTAAGGTTTG TGGTTTTGTC	1620
35	TTTGTGCTAT CGCnCATAAA GTATATAATT AAAGTAGTTT CGTTATTATA AAATATTAAT	1680
	ATACATAGTA GATAGTAATA GAGCATCACC ATGGGAACCT ATTGAGACAC TTATTGATTT	1740
	AAAGTGGTAT TAATATGTCG TATTTCTCGA ACGTTCCATT ATTCATTTTA AAAAGGGGGA	1800
40	CTGTATTTGT TATGACAACA CAACATAGCA AACAGATGT CATCTTAATT GGTGGCGGTA	1860
	TTATGAGTGC aCATTAGGAA CATTACTTAA AGAATTATCA CCTGAGAAAA ATATTAAAGT	1920
45	GTTTGAAAAA TTAGCACAAC CTGGCGAAGA GAGTTCAAAT GTATGGAATA ATGCCGGTAC	1980
	AGGGCATTCA GCACTTTGCG AGTTGAACTA TACAAAAGAA GGTAAGGATG GCACAGTTGA	2040
	TTGTAGTAAA GCAATTAAGA TAAATGAGCA GTACCAAATT TCAAAACAGT TTTGGGCATA	2100
50	TTTAGTTAAA ACAGGACAAT TAGATAACCC AGATCGCTTT ATTCAAGCGG TGCCACACAT	2160
	GAGTTTTGTC ATTGGCGAAG ATAATGTAGC TTTTATAAAA AGTCGTGTTG CAACGTTAAA	2220

55



	GGTACCGTTA ATGATTGAAG GTCGTAAGTC TGATGAACCA ATTGCTTTAA CTTATGATGA	2340
	AACTGGTACA gATGTAACT TTGGTGCGTT AACTGCAAAG TTATTTGATA ATTTAGAGCA	2400
5	ACGTGGTGTG GGAATTCAAT ATAAGCAGAA TGTATTAGAC ATCAAGAAAC AGAAATCTGG	2460
	GGTATGGCTA GTTAAAGTTA AAGATTTAGA AACTAATGAA ACGACAACAT ATGAATCTGA	2520
	TTTTGTATTT ATTGGTGCTG GCGGTGCGAG TTTACCATTa CTCCAAAAGA CTGGGATTAA	2580
10	ACAATCAAAA CATATTGGTG GTTTCCCGGT AAGTGGATTA TTCCTGCGCT GTACAAATCA	2640
	AGAAGTGATT GATCGTCATC ATGCTAAAGT GTACGGAAAA GCAGCAGTGG GTGCGCCACC	2700
	AATGTCAGTG CCGCACTTAG ATACACGTTT TGTAGACGGC AAGCGTTCAT TGTTATTTGG	2760
15	TCCATTTGCA GGTTCCTCAC CTAAATTTTT AAAACAGGT TCACATATGG ATTTAATTAA	2820
	ATCGGTAAAA CCAAATAATA TCGTGACGAT GTTATCTGCA GGTATCAAAG AAATGAGTCT	2880
20	TACGAAGTAT TTAGTGTCAC AATTGATGTT ATCTAATGAT GAGCGTATGG ATGATTTAAG	2940
	AGTCTTTTTT CCAAATGCTA AAAATGAAGA TTGGGAAGTG ATTACAGCAG GGCAACGTGT	3000
	CCAAGTAATC AAGGATACTG AGGATTCTAA AGGTAACCTA CAATTTGGTA CTGAAGTTAT	3060
25	TACGTCAGAT GATGGCACAT TAGCTGCATT ACTTGGTGCA TCACCTGGTG CGTCAACAGC	3120
	TGTAGATATT ATGTTTGATG TTTTACAGAG ATGCTATCGT GATGAATTCA AAGGATGGGA	3180
	ACCAAAGATT AAAGAAATGG TGCCGTCATT TGGTTATCGC tTAACAGATC ATGAGGATTT	3240
30	ATATCATAAA ATTAATGAAG AAGTAACTAA GTATTTACAA GTTAAATAAT AAACGAAACG	3300
	GTAATGTCTT TTTAATGTG ATAGACATTA CCGTTTTTTA GTGGTTAATA AAAATCATT	3360
	TAATTGTTTC AGTTGCTTGT TAATAGTGTC TACGTAGTTC TTGTTTTTAA AGAATTGAAT	3420
35	TATCCAAATT AATACATAAA CCACAATGAA GATAATTGTG AATATGATTA GATAATGCAC	3480
	TGTTAGTGGA AACCAACCGG CAAGCATTGC TAAAGGCAAG AATCCGACAT ACGTTGTTAT	3540
	GAAATGCATT ATAGTTGCTT TAGTAATGCT CCAATCTGTG TATTTAAAGA TAAATCTCC	3600
40	AAGGAAAAAG ACGACGCCTA TGAGTAACCA TAAATGATA GAAATCAACA TTACGGTAGT	3660
	TTCTGTGAAA TCGGTATAAT ACAATATGCC AATAGTTGAT TGTGGGTTCA GTGGATAATA	3720
45	TTTGCCGTCT GCAAATAACA TACTAAAGAA CAGTGAAAGG GACAAACCAA TGATTAAGCT	3780
	AATAAATAAT GAGTTTTTCA AATTTTTCAT ATTGATAAGC GCTCCTTTAT AGATTTTAAA	3840
	TAACGTCTAG AAGAATAGGT GTAGTGTGCA TCTTTAAGAT ACATACGTAT AAGTCCATTT	3900
50	GGCTCTAATA ATAATTTTTT AATGTAATAC TTGTTGACGA TTTCTGATTT GGAAATGCGA	3960
	ATGAAATGTT GTGGTAACTG TTTTCTAGT TCATAAAGTC GTAATTTTAG TTTGAATTTT	4020

55

ACATTAATGA TATGGATTTC TTTGTCTATG TATCCGACTA ATGTATGTGA TTTGTCTAAA 4140  
 TCATTGACTG CATTAATAAT ACTTTGAACG TTATCATTCA TTTTAGGTGC ATGTATATCA 4200  
 5 ATATAAGATT CCGTCTCATT TGCATTGATA AATAAATTGA GTTTCATCAT AGGTTAATGC 4260  
 CTCCTTCAAA ATTATTAAAC CATAAATGAC CATCGATATA TTTAAATTTT GTTGAATGGT 4320  
 AGAAATTAAA TGTTAAGTGG CTAGAAAGCG CTAATCAATA TAAAAGATAC CTCCTGAAAT 4380  
 10 AAAAACAGAA ATGTTTTTTC AGGAGGTAGA GATTAAAGTG AATTATTTGG CAGTGTAATA 4440  
 GTAAAGGTGG TTACATACTC GTTACTTTGT GTGAATTGGA TTGTACCATG ATGCAATTCA 4500  
 ATGATGGATT TTGTAATTGC AAGACCTAAA CCATTGCTAT TATCATGTTT GCTCACTTTA 4560  
 15 TAAAAACGTT CAAATAAACG TGCTTCAGCT TGTGGACTAA TTGGTGAACC ATCATTACTT 4620  
 ATTGTGAAAA TGATATTGTT GTGACTATGT TGCAAAGCGA TGTCAATGGC ACCACCAACA 4680  
 TCTGTATACT TAATAGCATT TATTAATAAA TTACTCAATG CTTGATGTAA CAAACGTTGA 4740  
 20 TTTCTAGGA AATTGATGAT TCTAGGTCAG CTAAnATGAT TAACGACTTT TCATCAGCAG 4800  
 CAnATTGTTT ATGTCGAATG ATATCnTTAA TGAGCTG 4837

25 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 159:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1600 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 30 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 159:

35 ACAATTATTG GATTATTATC AAGCAACGTT AATGGATGAC TTCCACTTAC AACAGAAATG 60  
 CCCATAGATT CTAAATCTcT TGCATGAGCA TCTTGTGATA AGTCTTTTCC ATCATTGACA 120  
 GTTACATTCTG CACCTAATTT ACTTAATAAT TTAGCTGCTT CATAACCACT TTTTGCCAAA 180  
 40 CCGACAACCTA ATACATTTTT ATTTTCTAAC CCTGTATAAT TAAGCATCTT AATGCACTCC 240  
 AATCCATAAA CCGATTAAAC CTGAAATCAG ACCAACAGCC CAAAATACTG TAACTACTTT 300  
 CCATTCGCTC CATCCTATCA ATTCAAAATG ATGATGAATC GGACTCATT TAAATATACG 360  
 CTTTCCAGTC AATTTAAAGC TAGCGACTTG TAACATAACA GATAATGTTT CAATTACGAA 420  
 TACTAAACCT ATAAAAATTA ATGATAATTC CTGATTAAGC ATGATTGAAA TGGTAGCAAA 480  
 50 TATACCACCT AAAGCTAAGC TACCTGTATC TCCCATAAAC ACTTTAGCAG GGTTAATGTT 540  
 ATATGGTAAA AATCCTAAAA GTGCAAACAA CATAATGATA CAGAAAATAC CAATTGCCGT 600

55

TGCTAATCCA TCTAAACCAT CTGTAAATT TACTGCATTA GAAAAACCTA CTTGCCAAAA 720  
 AACAAATGAAA ATAACATATG CAAATGATAG TGGGATTGCT ACATTCGTAA ATGGAATATG 780  
 5 TATGCTCGTA GAAAAATTCA CCAAATGAAA CACATTACTT AAAACAAAGA ATATAATCGC 840  
 AATACCAATT TGCGCCAAAA ACTTCTGTTT ACTTGTTAAA CCTTGTTTAT TCTTTTAAAC 900  
 AACAAATAATA TAATCATCTA TAAACCAAT TAACCCAAAA CCAATCGTCA CAAATAATAA 960  
 10 CAGTATGATT GGATTAGCTT GATCTACAAA TATAATAGCC ACCAAAGACG TTATCACAAT 1020  
 ACTTAATAGA AATGTTAGTC CACCCATCGT TGGTGTACCA GTCTTCTTCA TATGGCTTTG 1080  
 TGGACCTTCT TCTCGAATAC TTTGACCAAA TTTCATCCTT TTTAATGTAG GTATTAAAAC 1140  
 15 AGGTACCAAA ACAAATGTAA TCACTAGCGC TAATAACGCA TATACAAAAA TCATAACTAT 1200  
 CTCCTCTTCT TAATCCAGAC TTTTAAACC ACTAATATAT TATCAATTTT TCAATTAAAT 1260  
 20 AAACAAAGTT GTAATCAAAA TTTATAATTT TTCTTTTTTA CGGCATAAGA GGCCAGTATA 1320  
 AAAAGTTTGC CTATAACAAA CAAGTTAATC TGACCTCGTC TACCTTAAAA TTCTCTATCA 1380  
 ACACCTATTT ATAAAGATTA AATGAAGATG TTGTTTTCTA TCACAGCATT ACTTTAGTAA 1440  
 25 AAACAAATAG TGACAATACA TCCTAATTTA ATGTAGCCAT TCTTGTTAGT CCGACTTATC 1500  
 CTTGTCAGTT TTACTGTCAG ATTTCTCTT ATCATCTGAA TTTGAATCAG AATTATTCGT 1560  
 CGAATTGCTG TCTACATTCT CTGGATGGAA AATTCTACGT 1600

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 160:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1186 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 160:

ATTGCCTTTG TTTTAATTTT AAATCAAAAT mGCCTATGAA AGATTAAAT CAATTAATTT 60  
 CTATAATATT ATCATTTTAA AAGCATATCA TTGTTTAGTT TTTTATAAT TGGATAAATA 120  
 45 CTAATAGTTA CTTTATAAAA CATTACATAG AGAAAGGTTA AGGAGTGCAC ATGTCGAAAA 180  
 AGGATCACTC TTCTTCAAAA TACCTTAATT CTGTTAAGGA AGCGCAAGAG GAGTCAAAAA 240  
 AGAAAAATAA AAGTAATCCC AAAATTGATG TTGATCGTAC ATATATTGAA CCTCAACAAT 300  
 50 TCCAATCTAA GAAACCTAAA AAAGATGATC AGGTTTCTT CTTATCAAGA TTAAATAAAC 360  
 CTGCAAAATA TAAGAAAGAC TCTAATTTCT TATCATATCT CATCTATCGC ATAGGAAAAG 420

	TGTTGCTTTT CCTATTAACA TTATTACCAT TTTTCAATAT TAAGCAGAGT CAAATTACTA	540
	ATATGTTAAG CAATGCACCC GCTGAAACAT CTA CTCTAAT TAAGAGTGTA ATTGGTGATA	600
5	TA ACTCAAAA CTCCAGTGGT GGCTTATTAT CTATCGGTTT GATTTTAGCA ATTTGGTCAG	660
	CTTCAAATGG AATGACTGCA ATTATGAATT CTTTCAATGT TGCTTACGAT GTAGAAGATA	720
	GCCGTAATGG AATCGTATTA AA ACTACTAA GTGTTGTCTT CACTGTAGTT ATGGGCGTTG	780
10	TGTTTG TAGT TGCTCTAGCA TTACCAACGC TTGGTTCTGT AATTAGTCAT TTCCTATTCG	840
	GTCCACTTGG aTTTGACGAA CAAGTGAAAT GGATTTTAA CCTTATTAGA ATTGTGTTAC	900
	CAATCATTAT TATATTTATC ATATTTATCG TGTATATTC GGTGACCT AACGTTAAAA	960
15	CGAAGCTTAA GTCAGTATTA CCAGGTGCAG TATTTACTTC AATTATTGG TTAGCTGGTT	1020
	CATTTGGTTT TGGTTGGTAT ATTTCAAATT TTGGTAACTA TTCTAAAACA TATGGCAGTA	1080
20	TCGCGGGTAT CATCATTTTG TTACTATGGT TATATATCAC AAGTTTTATT ATAATTGTCG	1140
	GnGCTGAAAT CAATGCAATC ATTCATCAGC GTAGTGTAAT TAAAGG	1186

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 161:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 7872 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 161:

	TCTTGAGCCA TCTTTTGAGC TAACTGACTA GATTGATACC CAAAATCAT AGTTACCAAC	60
35	ATAAACTTTA ATTTTACCGA AGTCTAAATC AGCGATATGA GTACATACAT TATTTAAGAA	120
	ATGATCGGTCA TCGGATACTA CGATAACAGT ATTATCAAAG TTAATTAAGA AATCTTCTAA	180
	CCA ACTGATT GCTGGAATAT CGAGACCGTT AGTAGGCTCA TCCAGTAATA GTACGTCTGG	240
40	TTCA CCGAAT AA ACTTTGCG CTAATAATAC TTAAATTTT TGGTTGTTTT CTAATTCAGC	300
	CATTTTTTTA TCGTGTAAG TTGGATCGAT ACCTAAACCA GATAAAAGGT TAGCAGCATC	360
45	AGCTTCAGCA TTCCAACCAT TCATTTCTGC AAATTCACCT TCAAGTTCAG CAGCACGGAT	420
	ACCATCTTCA TCACTGAAAT CTGGCTTCAT ATAGATTTCA TCTTTTCTT TCATAACCTC	480
	ATAAAGACGT TCGTGACCTT TAATTACAAC ATCAAGCACG CGTTCATCTT CATAAGCATA	540
50	GTGGTCCTGT TT TAAAACAG CTAGACGTTT ATTTTCCCT AATGAAACAT GTCCTGTTTG	600
	AGAATCTAAT TCACCAGATA ATATTTTTAA GAATGTTGAT TTACCTGCAC CATTCGCACC	660

	ATCTCCAAA CGTAACTCA CATCAGTTAC TTGTAACATG CATTTTCTCC TTTTTCAT	780
	TCGATATTCT AACGGAAGAA TTATATCATA TTATCGTCAC AGTTTCGACC TCATATAAGT	840
5	TGTAATGATA GAATGACTCA CACATGTTAT AATAATAAAG AATACAAGAA TCGAAGGAGA	900
	ATAACATGGC ATTAGACAAA GATATAGTAG GTTCTATAGA ATTCCTTGAA GTAGTAGGGT	960
	TACAAGGTTT AACTTACCTT TAAAAGGAC CAAACGGTGA AAACGTAAAG TTAAACCAAT	1020
10	CAGAAATGAA CGATGATGAT GAATTAGAAG TAGGTGAAGA ATATAGTTTC TTCATTTATC	1080
	CAAACCGTTC AGGTGAATTA TTTGCAACTC AAAATATGCC TGATATTACG AAAGATAAAT	1140
	ATGACTTTGC TAAAGTACTT AAAACGGATC GCGATGGGGC ACGTATAGAT GTTGGATTAC	1200
15	CCCGTGAAGT GTTAGTACCA TGGGAAGATT TACCAAAAGT GAAATCACTA TGGCCACAAC	1260
	CTGGTGATTA TTTGCTAGTT ACATTACGAA TTGACCGTGA GAATCATATG TATGGACGTT	1320
20	TAGCGAGTGA ATCTGTTGTA GAAAATATGT TTACACCTGT ACACGACGAT AATTAAAAA	1380
	ACGAAGTCAT TGAAGCCAAA CCTTACCGCG TATTACGAAT TGGTAGCTTT TTATTAAGCG	1440
	AATCAGGTTA CAAAATTTTC GTACATGAAT CAGAACGTAA AGCTGAACCA AGATTAGGTG	1500
25	AATCTGTTCA AGTTAGAATT ATCGGGCATA ATGATAAAGG TGAGTTAAAT GGTTCATTTT	1560
	TACCACTTGC ACATGAACGT TTAGACGATG ACGGCCAAGT CATCTTTGAT TTAGTAGTTG	1620
	AATATGATGG TGAATTACCA TTCTGGGACA AATCAAGCCC TGAAGCGATT AAAGAAGTAT	1680
30	TCAATATGAG TAAAGGTTCA TTCAAACGTG CAATCGGTCA CTTATATAAA CAGAAGATTA	1740
	TTAATATAGA AACAGGTAAA ATCGCTTTAA CTAAAAAAGG TTGGAGTCGA ATGGACTCAA	1800
	AAGAATAATC ATTTTACAC GTGTCGTAGG ATGCGTGTTT TTTTATTCA ATATTAAATC	1860
35	GGACAGATGA AGTAGTTTTT TAAACATTCC TTTCAAAGTA AAAAATTAAA TAATTCAAAC	1920
	GAATAGGCTG GgACATTAAG TTCTTAGGCA ATGTAAAAA GCTGATTCTT ATTAATTATT	1980
	TGATGGAAAT CAGCTTTTTT GATATGTATT TTATAATGTA CAGCTCGTTG AGCTGCTATT	2040
40	TTCTTATAT TAAGTGCCAT TAATACAAA CCTAGCTCTC GTTTAACTTT ATTTATTCCT	2100
	CGAACTGACA TTCGAGTGAA aCCCAAATA GCCTTCATAA ATCCAAAAAC AGGCTCTACA	2160
45	TAAATTTTTC TATGACTATA GATTTTTTTC GTTCTGGTT CAGAAAGCTT TTGaTTAATT	2220
	TGGGCTTTAA TGTATTTCAA AGTAAAATTA CATGTTAATA CGTAGTATTA ATGGCGAGAC	2280
	TCCTGAGGGA GCAGTGCCAG TCGAAGACAG GGGCCCCAAC ACAGAAGcTG ACATATAGTC	2340
50	AGCTTACAAC AATGTGCCGG TTGGGGTGGC TGAGACGGCA CCCTAGGAAG GGACCCGTCA	2400
	TCAAAAATTC TATTTATAGA ATTTTACAGT AATGTGACAG ACGGGCAAAG CGAAgCCATT	2460

55



	CTTACTGCTG	TTTTTTTAGG	GATTTATGTC	CCAGCCATTT	TTGTATTCAT	ATTTAAATTT	2580
	CGATAATTTT	TCAGGAAGCA	TTTTAATTTT	ACTAATGAAG	CAATATTTTT	TAGATTAACA	2640
5	AAAATTAATA	TTTACATTTT	CTTAACAATT	TTTTATGTAA	CATTTACAGT	TTCTAAAAAT	2700
	GAGGTTAATA	ATTCAAGGTT	AAGATAAAGA	TGTAATCAAT	ACAAATACTA	TTTGTGTTC	2760
	ATACAGGGAG	GATATTTCAA	TGAAAAAATG	GCAATTTGTT	GGTACTACAG	CTTTAGGTGC	2820
10	AACACTATTA	TTAGGTGCTT	GTGGTGGCGG	TAATGGTGGC	AGTGGTAATA	GTGATTTAAA	2880
	AGGGGAAGCT	AAAGGTGATG	GCTCATCAAC	AGTAGCACCA	ATTGTGGAGA	AATTAAATGA	2940
	AAAATGGGCT	CAAGATCACT	CGGATGCTAA	AATCTCAGCA	GGACAAGCTG	GTACAGGTGC	3000
15	TGGTTTCCAA	AAATTCATTG	CAGGAGATAT	CGACTTCGCT	GATGCTTCTA	GACCAATTAA	3060
	AGATGAAGAG	AAGCAAAAAT	TACAAGATAA	GAATATCAAA	TACAAAGAAT	TCAAAATTGC	3120
	GCAAGATGGT	GTAACGGTTG	CTGTAAATAA	AGAAAATGAT	TTGTAGATG	AATTAGACAA	3180
20	ACAGCAATTA	AAAGCAATTT	ATTCTGGAAA	AGCTAAAACA	TGGAAAGATG	TTAATAGTAA	3240
	ATGGCCAGAT	AAAAAAATAA	ATGCTGTATC	ACCAAACCTCA	AGTCATGGTA	CTTATGACTT	3300
25	CTTTGAAAAT	GAAGTAATGA	ATAAAGAAGA	TATTAAAGCA	GAAAAAATG	CTGATACAAA	3360
	TGCTATCGTT	TCTTCTGTAA	CGAAAAACAA	AGAGGGAATC	GGATACTTTG	GATATAACTT	3420
	CTACGTACAA	AATAAAGATA	AATTAAAAGA	AGTTAAAATC	AAAGATGAAA	ATGGTAAAGC	3480
30	AACAGAGCCT	ACGAAAAAAA	CAATTCaAGA	TAACTCTTAT	GCATTAAGTA	GACCATTATT	3540
	CATTTATGTA	AATGAAAAAG	CATTGAAAGA	TAATAAAGTA	ATGTCAGAAT	TTATCAAATT	3600
	CGTCTTAGAA	GATAAAGGTA	AAGCAGCTGA	AGAAGCTGGA	TATGTAGCAG	CACCAGAGAA	3660
35	AACATACAAA	TCACAATTAG	ATGATTTAAA	AGCATTTATT	GATAAAAATC	AAAAATCAGA	3720
	CGACAAGAAA	TCTGATGATA	AAAAGTCTGA	AGACAAAAAA	TAATAAGACG	CAATTTCAAA	3780
	TGTGTCTTGA	AACATGATTT	TGATGGTGAA	TCATTATTTA	GAGTACAAAG	CTTGATTTAT	3840
40	CGAGACGCTG	ATTTTGACAT	TCAGTTAGTC	TACAAGCTTA	TCAACTTAAA	ATAGTGGTTC	3900
	ATCATTATTT	TACAAATCTA	ATTATTTTGG	GAGTAATAGA	AAGAGGTTTG	ATTATGACTT	3960
45	CATCTACTAA	TGTTAAAGCT	TTAATCGAAA	AAAATAATAA	TAAAAAAGGA	AAGCATAATG	4020
	ACAAAATTAT	ACCAGTTATT	TTAGCCGCAA	TTTCAGCGAT	TTCCATTTTA	ACAACACTAG	4080
	GTATATTAAT	CACATTGCTT	TTAGAAACCA	TCACTTTTTT	CACCAGAATT	CCAATAACTG	4140
50	AATTTCTATT	TTCTACTACT	TGGAATCCTA	CCGGTTCAGA	CCCTAAGTTT	GGTATCTGGG	4200
	CATTGATAAT	AGGGACTTTA	AAAATCACAG	TTATTGCGAC	TATATTTGCA	GTTCCAGTCG	4260

55

	AACCGATATT AGAAATTTTA GCAGGAATAC CAACAATTGT GTTTGGTTTC TTTGCATTAA	4380
	CCTTTGTTAC ACCAGTATTA AGATCTTTCA TACCAGGTCT TGGAGAGTTT AATGCTATAA	4440
5	GTCCCGGCTT AGTTGTCGGT ATTATGATTG TCCCTCTCAT CACAAGTTTG AGTGAGGATG	4500
	CAATGGCATC TGTACCAAAT AAAATTCGAG AAGGTGCCTA TGGACTTGGA GCAACTAAAT	4560
	TAGAAGTAGC AACTAAAGTC GTA CTTC CCG CAGCAACATC AGGTATTGTA GCTTCAATCG	4620
10	TTCTCGCGAT TTCAAGAGCA ATTGGAGAAA CGATGATTGT ATCATTAGCG GCAGGTAGTT	4680
	CGCCAACAGC TTCATTAAGT TTAACAAGTT CGATTCAAAC AATGACTGGA TATATTGTTG	4740
	AGATAGCGAC AGGTGATGCA ACATTGATGAT CAAATATTTA TTACAGTATT TATGCTGTAG	4800
15	GGTTCACACT ATTTATCTTT ACCTTAATCA TGAATTTACT TTCTCAGTGG ATTTCTAAGC	4860
	GTTTTAGGGA GGAGTATTAA TATGGAAACG ACAGATAATA ATAGACAATC ACTCGTCGAT	4920
20	CAACAACCTG TCCAAAAACA TTTATCATCC AGAACGGTTA AAAATAAAGT GTTCAAACCTC	4980
	ATATTTTTAG CATGTACATT ATTAGGACTT GTCGTACTTA TTGCGTTGTT AACTCAAACA	5040
	TTGATTAAAG GGGTAAGTCA TTAAATTTA CAGTTTTTCA CTAATTTTTC TTCTTCAACA	5100
25	CCATCTATGG CTGGCGTTAA AGGCGCGTTA ATCGGTTTAC TTTGGTTAAT GTTAAGTATC	5160
	ATTCCATTAT CAATCATCCT AGGAATAGGT ACAGCTATAT ACTTAGAAGA ATATGCGAAA	5220
	AACAACAAAT TTA CT CAGTT TGTTAAAATC AGTATTTCCA ATTTAGCTGG TGTACCATCA	5280
30	GTTGTATTG GGTATTAGG TTATACTTTG TTCGTTGGTG GTGCAGGGAT TGAAGCCTTG	5340
	AAAATGGGTA ACAGTATATT GGCAGCAGCG CTAACAATGA CCTTACTGAT ATTACCAATT	5400
	ATTATTGTTT CAAGTCAGGA AGCAATTAGA GCTGTACCTA ACTCAGTACG CGAACTTCTT	5460
35	ACGGCTTAGG TGCTAATAAA TGGCAAACGA TAAGACGTGT TGTCTTACCA GCAGCGTTAC	5520
	CTGGTATTTT AACTGGATTC ATTTTGTCTC TTTCAAGAGC ACTGGGAGAA ACAGCGCCAC	5580
	TTGTGCTAAT CGGTATACCG ACTATATTAT TGGCAACACC TAGAAGTATA TTGGATCAAT	5640
40	TTTCAGCATT ACCTATCCAA ATATTTACTT GGGCGAAAAT GCCTCAAGAA GAATTCCAGA	5700
	ATGTTGCATC GGCAGGCATT ATCGTTTTAC TAGTTATCTT AATCTTAATG AATGGCGTTG	5760
45	CGATTATTTT ACGTAACAAA TTTAGTAAAA AATTCTAATT TAAACAATCA ATCTCATTTA	5820
	TCTATTAAAA AGGGAGTTTT AAATATGGCG CAAACACTTG CACAAACTAA ACAAATATCT	5880
	CAAAGTCATA CGTTTGATGT CTCACAAAGT CATCATAAAA CACCAGATGA TACAAACTCA	5940
50	CATTCTGTTA TATATTCAAC ACAAATTTA GACTTATGGT ATGGCGAAAA TCATGCATTA	6000
	CAAAATATTA ATTTAGATAT TTATGAAAAC CAAATTACTG CCATTATAGG TCCATCTGGT	6060

55

	AAAACAGCTG GTAAAATATT ATATCGAGAT CAAGACATTT TTGATCAAAA ATATTCTAAA	6180
	GAACAATTAC GTACAAATGT GGGCATGGTC TTTCAACAAC CTAATCCATT TCCAAAATCA	6240
5	ATATACGATA ATATTACTTA CGGTCCAAAG ATTACCGGTA TTAAAAATAA AAAAGTTCTT	6300
	GATGAAATCG TTGAGAAATC ATTACGTGGC GCTGCAATTT GGGATGAATT AAAGGATAGG	6360
	TtGCACACAA ATGCATATAG TTTATCCGGT GGGCAACAAC AACGTGTTTG TATCGCGCGT	6420
10	TGTTTAGCAA TTGAACCTGA AGTCATTTTA ATGGATGAAC CGACATCAGC ATTAGATCCA	6480
	ATCTCAACAT TAAGAGTAGA AGAGTTGGTT CAAGAACTAA AAGAAAAGTA TACAATTATT	6540
	ATGGTtACAC ATAATATGCA ACAAGCAGCT CGTGTATCAG ATAAAACTGC ATTTTCTTA	6600
15	AATGGTTATG TCAATGAATA TGATGATACT GATAAAATTT TCTCTAACCC ATCAAACAAG	6660
	AAAACAGAAG ATTATATTTT AGGAAGGTTT GGTTGATATA TAATGGCAAT AATTAGACAA	6720
	CGATATCAGG AGCAACTTGA TGATTTAATA AAAGAATTAC GTCGGTTAGG TGCaAATGTC	6780
20	TATGTGAGTA TTGaAAATGG TATAAAATCA TTAAGTATTG aCGATAGAGG cTTTGACGA	6840
	CAAACAGTTA AAAACGATAA ACATATCAAT CAATTAAATT ATGATATTAA TGAGCGAGTT	6900
	ATCATGTIAA TTACAAAGCA ACAGCCCAT T GCGAGTGATT TCGGTATGAT GATTTCTTCA	6960
25	TTAAAAATCG CCTCCGATTT AGAAAGAATA GGAGATAATG CCTCGAGTAT TGCCAATATT	7020
	CGATTGCGTA CAAAGATTAC AGATGATTAT GTGTTAACCC GTTTAAAGAC AATGGGTAAA	7080
30	TTAGCTATGT TAATGTTAAA GGACTTAGAT CAAGCATTTA AAAAGAAAGA TACCGTATTA	7140
	ATAAGAGAAA TAATTGAGCG TGATGAAGAT ATCGATGACT TATATAGTCA TATTATTAAC	7200
	GCAACGTATC TTATTGATAA CGtCCATTTG TCGCTGCACA AGCTCATTTA GCAGCAAGAC	7260
35	ATTTAGAACG TATTGGTGAT CATATTATTA ACATCGCTGA AAGTGTTTAT TTTTATTTAA	7320
	CAGGTACACA TTACGAACAA TAACTTAAAG TTATTACTAT AAAATCCCTT ACGATAAATA	7380
	TATATTTCTA TTATTCATAA ACCCTCAAAA AAACCAAGAT TCTCACAATT AGTAATGTGA	7440
40	AAATCTTGGT TTATATTGTT CTACTATAAA TTGTCTCGCA TCTTAGTTAT TTGCTTGCTC	7500
	AATTTCACT GTTAATTTTT CAACCTCATC GACTAAATCA GAAATATATT GAATTGTAGA	7560
45	TTTAAGTGGC TGTCTGTAG TAATGTCTAC ACCTGCAATG TTTGCAAGTT CGACAGGTGA	7620
	TACACTACCA CCTTTTTTCA ATGTTTCTAA CCAAGCATCA ACAGCTGGTT GGCCTTCATT	7680
	TTTAATCTTT TGAGAAACGA CAGTTCCGAT TGTTAAGCCA GCAGAATACG TATACGAATA	7740
50	TAATCCCAT TAGTAATGAG GTTGACGCAT CCATGTTAAT TCAGCACCCCT CAGTCATGTC	7800
	TACTGCATCT CCAAAAAATT GTTTATAAAC ATTTAGCATT ATTTCAATTA ATGTnCGGCG	7860

55

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 162:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 798 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 162:

```

TTTTTCTTT TCTTCATTG AAAATTGATC ATTCAGCAAT ATAAGCGTAT TTGTTAATGA      60
TTTAGGTGTT CCAATTTTCAT AATCCACCA ATTTAAGTTG GTATTCTTGC CAGTTGTTTT      120
AGTAAATTC TCACTTAATT CTTTACTTT TTTATCTGGT TCTTTTCCAT ATGCATTTTT      180
ATGCAGCCAC TCAAGGGCAT CTTTCACTTT CTTCCTATTT TCGTCAGTAT TTAAAGTGGT      240
TTTAGGATTC CTCATCGCTT CTGCGATTTT CTCAATATTA CGATAGGTAC GAGTCATATG      300
AGAAGAATTA GTTTCAGGG TTTCCGCTCC TGACCACAAG TATTTCTTAC CACTTTCAGT      360
TTTCATTTCC TTGAGTAAAT TCGTCGCCTC TTTCTCTGTA GCATCAAAC TCTTCTTCAT      420
ATCTGGATTA TTCTCATCAT ACTTATCATA ACCATAGTTA ACGTCCAGCC ATGTGTTCCCT      480
CAATTTTTCA TAATCTGGCG TTTGAACATT CGTATCAGCC ACAGCGATTT GATGTTTATC      540
AACACTTCTG AATTCACCAC CATTCAAAGT AATCACACCA GCCATTAATA ACGTAATGGT      600
GGATAATTTT TGCCATTTCT TTATTCTATA TGTCATTGac ATGTCTCCTT TTTGTGTTGC      660
GCGTGCGCAA TGAATATTAT GATTAAATAA TGATTCAATT TTTCAAAATT CGTTAACGTA      720
TACAAATGAC TGTCTACTGT CAAACAATCC ACAAAGAATG TTGATGcCAT ATaACAATC      780
GATCACCCAA ATTTTCCG                                     798

```

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 163:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5132 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 163:

```

TACAGGTTTT ACTATAATGG ATGGTATTTT GGCTAAACGA CATTGGTTTA GTCTTCTTTT      60
TTTtACTTCC TAnATTTACA ATGGTATAAA TAATAATGCT ATATTTAGAA TGATGAGTAT      120
ACTTACTGAA ACTAAATTAA AAGTGTCTGG TTCTTTACTA AAGATAGCTG CTATCCTTGC      180

```

	AATACAAGTT CCAATGAGCG CAATTAAAAG TACTAACCCA ACGATGAAAC TCTGTTTGTC	300
	ACTTAACTCA AAGAACTAT AGATAGGATA TTTTTTAATA ATCAAGCCAC CTAAAATCAT	360
5	CCATAAAAAT ACGATAATTC CATAAGTCAC ATTTATAACA TACGTTATTT TTTGGTCACC	420
	AAATCGGACT AATGTATTTT GTAGAATCAG CATACCAATG ACAACACCTA AAATAACGAT	480
	ACTAGCTATA TAAAGTAAAA ATGCAATTGT CACATCAAAT GTACCCAAAT CTAAAAACCT	540
10	AGGAATTAYa AyGACTGCTA AAATAAAAGC GAAGYACAAA GTAATATAKT TATACAAACC	600
	GGTAGTAAGA CTTATCTCAG GTGATAATTG ATCAGCCATT GACTTAATCG GTGTATTAAT	660
	AATTGAACTT GTATCTTCGT TATTTTTTTC AGCCATAGTT AAATGATCTT CGAGCTCTTC	720
15	CAATAACTCT TCTACTTCTG CTTCAGTCTT ACCTCTAAAT AACAAATTCAA CACGTAATTT	780
	TTCTAAAAAA TCTTGAGATT GTTTACTTAA CATCGTTTTT CCCTCCAAAC AAGTTAATCA	840
20	TCCCTTTTATT CAAAACCTTG CATTTCGATT TAAATACTTT TAGTTCCTTT AAACCTGAAT	900
	CGGTAATCGT ATAGTATTTT CGCCTCGGGC CGCCATTACT AGATTTTTTT ATTGTCGTAT	960
	CAACGTATCC TTTTTTGTTT AAACGCATTA AACTGGATA AATACTACCC TCACTTATCT	1020
25	CTGGAAACTC TTGATTCTTA AGTTTCGTCA TAATTTTATA TCCATACGTT TCGCCTTGGG	1080
	CAATGAGACC TAATATCGCC CCATCTAAGA GACCTTTCAT AATCTGATCT GACACTGACA	1140
	TTTTAATCAC CTACTATCTT ACATAATAAG ATAGTACATT GAGAACTTTT CGTCAACTAT	1200
30	CTTTTATTGT AAGGTAGTTG TTGTACACAT TCCTTAAATG ACTAACAAC TTTGTTAATAG	1260
	GGTAATACTT ACGGAAGTAT ATTTTATTTA TGGGGGAGGA ATTAATAATG ACTACAAAAA	1320
	CAGTATTTGA TGTCAATTGAT ATGGGGTTAG GATATTTAGT AAATGTGTAT GATGCTTGGA	1380
35	AAGTTGAAAA GGTACTTGAT GATTATCATA AGCCTTTTTT TAATACCATT CATTGGCAAT	1440
	TTGGTCATGT ATTAACAATT TTTGAATCGG CCTTAGCTGT TGCTGGTAAA GAGAATATTG	1500
	ATTTAAATAT CTATAGACCT TTATTCGGAA ATGGTTCGTC TCCAGATGAA TGGAAGGATG	1560
40	AAGTACCGAG TATTGAAAGG ATTTTAGAAG GTCTCCAAAC TTTACCTGAA CGTGCACGAA	1620
	ATCTAACTGA AGATGATTTA GCAATTGAAT TGAAACAGCC AATTGTCGGT TGTAATAACT	1680
45	TAGAAGAGTT ATTAGTATTA AATGCCATTC ACATCCCACT TCATGCTGGT AAAATTGAAG	1740
	AGATGTCTCG TATATTAAAA AATTTAAAAT AAATATGTGC TTATTAACCG TTAACAACAC	1800
	GTTAACGGgT TTTTATTTG TTTAAAAGGT CACTTTTTTG AATTTAATAA ACACCATCTA	1860
50	TACCAGTTCT TCACCGATTC TCGAAAAATA ATTATATTAA TGATTTTCGTT AATTTAATTT	1920
	TATATTTAAT TATTACTGTA CATCTTTTGT AGTTAGCTTT ATTCTTAAAT TGAAATATGT	1980

55



	TACTCCCTAT CGTTGTAGGT CTCCTTATTT GGGCACTTAC ACCTTTTAAA CCGGATGCTG	2100
	TGGATCCAAC AGCATGGTAT ATGTTGCGAA TATTCGTCGC GACAATCATT GCTTGTATTA	2160
5	CACAACCGAT GCCAATTGGG GCCGTCTCTA TAATTGGATT TACAATCATG GTACTCGTTG	2220
	GCATTGTTGA CATGAAAACG GCTGTCGCTG GTTTTGGTAA TAATAGCATT TGGTTAATTG	2280
	CTATGGCATT TTTCATTTTCG AGAGGATTTG TGAAAACAGG TCTTGGTAGA CGTATCGCAC	2340
10	TTTCATTTTCG CAAATTATTT GGTAACAAAA CATTAGGATT AGCATATTCT ATCGTCGGTG	2400
	TAGATTTAAT TCTAGCGCCT GCTACACCAA GTAATACCGC GCGTGCTGGT GGAATCATGT	2460
	TCCCAATTAT CAAATCACTT TCTGAATCAT TTGGTTCGAA ACCGAAAGAC GGATCAGCAC	2520
15	GCAAAATGGG TGCAATTTCTT GTTTTCACAG AATTCCAAGG TAATTTAATT ACTGCGGCTA	2580
	TGTTTTTAAC TGCAATGGCC GGTAACCCCC TTGCACAAAA TTTAGCATCT AGCACATCTA	2640
20	ATGTTACAT TACATGGATG AATTGGTTTC TAGCTGCTTT AGTTCCTGGA CTGTTTCCT	2700
	TAATTGTTGT ACCTTTTATT ATTTATAAAA TTTATCCACC AACTGTTAAA GAAACACCAA	2760
	ATGCTAAGAG TTGGGCTGAA AATGAATTAG CGACTATGGG TAAAATCGCT TTAGCTGAAA	2820
25	AATTTATGAT TGGTATTTTT GTCGTTGCGT TAACACTATG GATTGTCGGA AGTTTCATTC	2880
	ATATTGATGC AACTTTAACG GCCTTTATTG CGCTAGcATT gTTATTATTG ACAGGCGTCT	2940
	TAACATGGCA AGACATTTTA AACGAAACAG GTGCTTGGAA CACATTAGTA TGGTTCTCAG	3000
30	TATTAGTGTT AATGGCCGAC CAATTAAACA AGCTTGGATT TATTCCTTGG TTAAGTAAAT	3060
	CCATTGCTAC AAGTCTTGGT GGCTTAAGCT GGCCTATAGT CCTGGTCATT TTAATATTGT	3120
	TCTACTTCTA TTCACATTAC TTATTTGCAA GTTCTACAGC ACATATCAGT GCGATGTATG	3180
35	CAGCATTACT AGgCGTTGCC ATCGCAGCCG GTGCACCACC ATTATTCAGT GCATTAATGT	3240
	TAGGTTTCTT CGGTAACCTA TTAGCTTCAA CAACACACTA TAGTAGTGGT CCAGCGCCGA	3300
	TTCTATTCTC TTCAGGTTAC GTGACTCAAA AACGTTGGTG GACAATGAAC TTAATATTAG	3360
40	GTTTCGTCTA CTTTATTATC TGGATTGGTT TAGGATCACT TTGGATGAAA GTAATTGGTA	3420
	TATTTTAAAA TATTTAAATT AGCGCTCGAA TCTCATTGAT TTGGGCGCTT TTTAATTGT	3480
45	ATTTAAAATC AACCTTTGCT AAATCAAGAC TCCCTTTTTA AAATACGTTT ATCCTTTAAA	3540
	TCATTGCGTG CTTCAGTCAA AATTTGTATA AAGATTTAAG TCATTACGTA ACATCACATA	3600
	AAATACATTT CTATACTATT CCGCTTCATT GATTAACATT ACGTATGCCC TCATAAATCA	3660
50	TCATACAAAA AACACCTTCG TTTAAATTCA TTTTAATTGC GAATTCAACG AAAGTGCCTT	3720
	ATTTCAATTT TAATGTTTCA AATTTATACG TCTGTCACTG TTAAGTGCACA CATACCTCAG	3780

55

TTATAGGGTT TTTGCGACCG GATGTTTCTT CAATTTAATG TATTGAGAAA GACTATATAA 3900  
CACAATACCT GTCCAAATAA ATATAAACGT AATTAATTGA TCTATACTAA AAGGCTCTTT 3960  
5 GAAAACAAAT ATGCCGAGTA CAAACATTAT TGTTGGTCCA ACGTATTGAA TAAATCCTAT 4020  
TAGCGAAAGT GGAATACGTT TTGCCCCGGC TGAGAATAGG ATTAGTGGTA TTGCCGTAAT 4080  
AGCACCAGAA AATAACAACC AAAATGATGA CATGTTCAAT CCAAATGACA TCTGATGTTG 4140  
10 CTGCCATAAA TAAATAACGT ATATTAGTCC AGCAGGTGCG GTAACAATAC ATTCAATCGT 4200  
AATACTGCTG ATGGCATCAA TATGTACTAC TTTTTTCAAT AATCCGTATG TACCAAAGGA 4260  
TAACGCTAAT ATAATAGAGA CGATTGGGAA TTCTCCAATC TTGAGCGTCA TATATAATAC 4320  
15 ACCGATGAAT GCGAATAAAA TGGCTAGCCA TTCAAATTTA TTGAATCTTT CTTTTAAAAA 4380  
GATAAGTGCG AGCAAAATGC TAACAAGTGG ATTTATATAA TAACCTAAAC TTGTTTGTAG 4440  
GACGTGACCG TTCGTTACAG CCCAAATAAA TGTACCCCAA TTTAATGTAA TGACATAGCC 4500  
20 TGCTACGACA ATCGCTAATA GCTGAATGGG CTGCGCTAAC AATTGATTCA TATCTCGTTG 4560  
AAATGCATTG CGTTGTTTTT GTCCAACCGC GAGTATGAAA ATCATGAATA TTGCTGAAAA 4620  
TATAATACGA AAGGCTAAAA TTTCAAATGC GCCTATTGCA TCAACGAACT GCCAATATAT 4680  
25 AGGTAGTATT CCCACAGAA TGTATGCACT GAGTGCTAAA AATATGCCTT TTTTATACTC 4740  
TGAATTCACC TTCAAACCTC CTTACTTTCC TAATTTTTAA TTTACTGCAT ACGCTCACTT 4800  
30 GGTATGCTA ATATAACGAT TTTACTAATA ATATTTGAT AAAGATATCA TTTTGTTTAT 4860  
ATTTCCCACA TTTATTCACC AACCCTAAA CAATATTAAT TTTATAAATA ATTCTGTACA 4920  
AATCAGGGTA TATTGCCAGA AAGACTACCA TACAACATAA AGGATGGATA CAAATGACTT 4980  
35 TACCTAAAAT TGGAAAGCCT GCAACACGCG CGCTAAATTC ACAAGGTATA TACACATTAG 5040  
AAGCAGTATC ACAATATACG AAGTCATCTC TAATGGAGAT GCATGGCGTT GGTCCTAAAG 5100  
CTATATCAAT ATTGGAACAA GCTTTATTTT AG 5132

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 164:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 22243 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 164:

AAGTAAATTA TATTATGAAT TTGCCTGTCA ATTTCTTAAA GACATTCTTA CCGGAACATA 60

	TAGAAGCAAT TAATAATGcy mAAGAAAAGA CAGCTAATAA TACCGGCTTA AAATTAATAT	180
	TTGCAATTAA TTATGGTGGC AGAGCAGAAC TTGTTCATAG TATTA AAAAT ATGTTTGACG	240
5	AGCTTCATCA ACAAGGTTTA AATAGTGATA TCATAGATGA AACATATATA AACATCATT	300
	TAATGACAAA AGACTATCCT GATCCAGAGT TGTTAATTCTG TACTTCAGGA GAACAAAGAA	360
	TAAGTAATTT CTTGATTTGG CAAGTTTCGT ATAGTGAATT TATCTTTAAT CAAAAATTAT	420
10	GGCCTGACTT TGACGAAGAT GAATTAATTA AATGTATAAA AATTTATCAG TCACGTCAA	480
	GACGCTTTGG CGGATTGAGT GAGGAGTAGT ATAGTATGAA AGTTAGAACG CTGACAGCTA	540
	TTATTGCCTT AATCGTATTC TTGCCTATCT TGTAAAAGG CGGCCTTGTG TTAATGATAT	600
15	TTGCTAATAT ATTAGCATTG ATTGCATTAA AAGAATTGTT GAATATGAAT ATGATTAAAT	660
	TTGTTTCAGT TCCTGGTTTA ATTAGTGCAG TTGGTCTTAT CATCATTATG TTGCCACAAC	720
20	ATGCAGGGCC ATGGGTACAA GTAATTCAAT TAAAAAGTTT AATTGCAATG AGCTTTATTG	780
	TATTAAGTTA TACTGTCTTA TCTAAAAACA GATTTAGTTT TATGGATGCT GCATTTTGCT	840
	TAATGTCTGT GGCTTATGTA GGCATTGGTT TTATGTTCTT TTATGAAACG AGATCAGAAG	900
25	GATTACATTA CATATTATAT GCCTTTTTAA TTGTTTGGCT TACAGATACA GGGGCTTACT	960
	TGTTTGGTAA AATGATGGGT AAACATAAGC TTTGGCCAGT AATAAGTCCG AATAAAACAA	1020
	TCGAAGGATT CATAGGTGGC TTGTTCTGTA GTTTGATAGT ACCACTTGCA ATGTTATATT	1080
30	TTGTAGATTT CAATATGAAT GTATGGATAT TACTTGGAGT GACATTGATT TTAAGTTTAT	1140
	TTGGTCAATT AGGTGATTTA GTGGAATCAG GATTTAAGCG TCATTTCTGGC GTTAAAGACT	1200
	CAGGTCGAAT ACTACCTGGA CACGGTGGTA TTTTAGACCG ATTTGACAGC TTTATGTTTG	1260
35	TGTTACCAAT ATTAAATATT TTATTAATAC AATCTTAATG CTGAGAACAA ATCAATAAAC	1320
	GTAAAGAGGA GTTGCTGAGA TAATTTAATG AATCTCAGAA CTCCTTTTGA AAATTATACG	1380
40	CAATATTAAC TTTGAAAATT ATACGCAATA TTAACTTTGA AAATTAGACG TTATATTTTG	1440
	TGATTTGTCA GTATCATATT ATAATGACTT ATGTTACGTA TACAGCAATC ATTTTAAAA	1500
	TAAAAGAAAT TTATAAACAA TCGAGGTGTA GCGAGTGAGC TATTTAGTTA CAATAATTGC	1560
45	ATTTATTATT GTTTTGGTG TACTAGTAAC TGTTTATGAA TATGGCCATA TGTTTTTGC	1620
	GAAAAGAGCA GGCATTATGT GTCCAGAATT TGCGATCGGT ATGGGGCCAA AAATTTTAG	1680
	TTTTAGAAAA AATGAAACAC TTTACACTAT TAGGTTATTG CCTGTTGGTG GATATGTTCTG	1740
50	TATGGCAGGA GATGGCTTAG AAGAGCCACC AGTCGAGCCC GGTATGAACG TTAAAATTAA	1800
	ACTTAATGAA GAAAATGAAA TAACACATAT CATATTAGAT GATCATCATA AGTTTCAACA	1860

55

	CACTGCTTAT GATAATGAAA GACATCATT TAAAATTGCT AGAAAGTCTT TCTTTGTTGA	1980
	AAATGGTAGC TTAGTTCAAA TTGCTCCGAG AGACAGACAA TTTGCACATA AAAAGCCATG	2040
5	GCCGAAATTT TTAACATTAT TTGCGGGACC GTTATTTAAC TTTATATTAG CTTTAGTCCT	2100
	ATTTATTGGT CTTGCATATT ATCaAGGcAC GCcTACGTCT ACTGTAGAAC AAGTCGCAGA	2160
	TAAGTATCCA GCTCAACAAG CAGGATTACA AAAAGGTGAT AAGATCGTCC AAATTGGCAA	2220
10	ATATAAAATA TCTGAATTTG ATGATGTTGA TAAGGCGTTA GATAAAGTTA AAGATAATAA	2280
	GACGACTGTT AAATTTGAAC GTGATCGTAA AACAAAGTCA GTTGAATTAA CACCTAAAAA	2340
	GACTGAAAAA AAAGTACTA AAGTAAGTTC AGAGACGAAG TATGTTCTCG GATTCCAACC	2400
15	AGCGAGTGAA CATACACTTT TTAAACCAAT TGTATTCTGA TTAAAAAGCT TTTTAATCGG	2460
	TAGTACTTAT ATTTTTACAG CTGTAGTAGG TATGTTGGCT AGTATATTTA CGGGCGGATT	2520
20	CTCATTGAT ATGTTAAATG GTCCGGTTGG TATTTATCAT AACGTCGACT CAGTTGTTAA	2580
	AGCGGGTATC ATTAGCTTAA TTGGTtncAC TGC GTTATTA AGTGTAAGT TAGGTATTAT	2640
	GAATTTAATT CCTATTCCTG CACTAGACGG TGGTCGTATT TTATTTGTTA TATATGAAGC	2700
25	GATTTTCAGA AAACCAGTTA ATAAAAAGC GGAAACAACG ATTATTGCTA TTGGTGCCAT	2760
	TTTCATGGTC GTTATAATGA TATTAGTAAC GTGGAATGAT ATTCGACGAT ATTTCTTATA	2820
	ATTTAGGAGG ATAAATAATT ATGAAGCAAT CCAAAGTTTT TATACCAACG ATGCGTGACG	2880
30	TGCCATCAGA AGCAGAAGCA CAAAGTCATC GTTTATTATT GAAATCGGGT TTGATAAAAC	2940
	AAAGTACAAG TGGGATTTAT AGTTATTTAC CGCTAGCAAC ACGTGTGTTA AATAATATTA	3000
	CTGCAATTGT GCGACAAGAA ATGGAACGTA TCGATTCTGT TGAAATTTTA ATGCCAGCGT	3060
35	TACAACAAGC TGAATTATGG GAAGAATCAG GACGTTGGGG TGCATATGGC CCAGAATTAA	3120
	TGCGTTTACA AGATAGaCAT GGAAGACAAT TTgCATTAGG TCCaACACAT GAAGAATTAG	3180
	TTACATCAAT AGTAAGAAAT GAATTGAAAT CATACAAACA ATTACCGATG ACATTATTCC	3240
40	aaATTCAATC TAAATTCCGT GATGAAAAGA GACCACGTTT TGGTTTAYTC GTGGGCGTGA	3300
	ATTTATTATG AAAGATGCAT ATTCATTCCA TGCTGACGAG GCATCATTAG ATCAAACGTA	3360
45	TCAAGATATG TATCAAGCGT ATAGCCGTAT TTTTGAGAGA GTTGGCATT ACGCAAGACC	3420
	AGTAGTTGCA GATTCAGGTG CTATAGGCGG TAGCCATaCA CATGAATTTA TGGCATTAG	3480
	TGCTATCGGT GAGGATACAA TCGTTTACAG TAAAGAAAGT GATTATGCTG CTAACATCGA	3540
50	AAAAGCAGAA GTCGTTTACG ArcCAaATcA TaAGCATACT ACTGTGCAAC CTTTAGAAAA	3600
	AATTGAAACA CCAAATGTTA AGACTGCGCA AGAATTGGCA GACTTCTTAG GTAGACCAGT	3660

55

	GCGTGGCCAT CATGAAATTA ATGACATTAA ATTAAAATCT TATTTTCGGCA CAGATAATAT	3780
	TGAATTAGCA ACACAAGACG AAATTGTTAA TTTAGTTGGT GCAAATCCTG GTTCACTAGG	3840
5	TCCTGTAATT GATAAAGAAA TCAAAATTTA TGCAGATAAT TTTGTGCAAG ATTTAAATAA	3900
	TTTAGTTGTC GGTGCTAACG AAGATGGTTA TCACTTAATT AATGTAAATG TAGGTAGAGA	3960
	CTTCAACGTT GATGAATATG GCGATTTCCG TTTTATTTTA GAAGGCGAAA AGTTAAGTGA	4020
10	TGGTTCAGGC GTTGCACATT TTGCTGAAGG TATTGAAGTT GGTCAAGTAT TCAAATTGGG	4080
	TACTAAGTAT TCAGAATCAA TGAATGCTAC ATTCTTAGAT AACCAAGGAA AAGCTCAATC	4140
	TTTAATTATG GGTGTTACG GAATTGGAAT TTCTAGAACG CTAAGTGCGA TTGTTGAACA	4200
15	AAATCACGAT GATAATGGAA TTGTTTGGCC TAAATCAGTT ACTCCGTTTG ATTTACATTT	4260
	AATTTCTATT AATCCTAAGA AAGATGATCA ACGAGAACTA GCAGATGCAC TATATGCTGA	4320
	ATTTAATACT AAATTTGATG TGTTGTACGA TGATCGTCAG GAACGTGCAG GTGTTAAATT	4380
20	TAATGATGCC GATTTAATTG GTTTACCACT GCGAATTGTT GTTGGTAAAC GTGCATCGGA	4440
	AGGTATTGTA GAAGTTAAAG AACGTTTAAAC AGGTGATAGC GAAGAAGTTC ACATTGATGA	4500
25	CTTAATGACT GTCATTACAA ATAAATATGA TAACTTAAAA TAATTAAGAT CGAATGAATT	4560
	ATAAGAGTAG GAAAAAGCTG AAAGAAATCT GATGCTTATG TCCTGCTCTT ATTATTTTGT	4620
	ATATAATGAT TATTCGATGA AAAATGACTG AAGACATAGT ATAATTAAAG ATAAATTTGT	4680
30	TTTAACAATA TAATGATTAG CCAAATATAA AGCATTTAAT TTTCTATCAT TACTATGCTC	4740
	ACATAATCTA AATATTGTTT GAACACGTAA AAGTAATTTT TATTTAAGGT GGTAATTGTC	4800
	TTGGCAATGA CAGAGCAACA AAAATTTAAA GTGCTTGCTG ATCAAATTAA AATTTCAAAT	4860
35	CAATTAGATG CTGAAATTTT AAATTCAGGT GAACTGACAC GTATAGATGT TTCTAACAAA	4920
	AACAGAACAT GGGAAATTTCA TATTACATTA CCACAATTCT TAGCTCATGA AGATTATTTA	4980
	TTATTTATAA ATGCAATAGA GCAAGAGTTT AAAGATATCG CCAACGTTAC ATGTCGTTTT	5040
40	ACGGTAACAA ATGGCACGAA TCAAGATGAA CATGCAATTA AATACTTTGG GCACTGTATT	5100
	GACCAAACAG CTTTATCTCC AAAAGTTAAA GGTCAATTGA AACAGAAAAA GCTTATTATG	5160
	TCTGGAAAAG TATTAAAAGT AATGGTATCA AATGACATTG AACGTAATCA TTTTGATAAG	5220
45	GCATGTAATG GAAGTCTTAT CAAAGCGTTT AGAAATTGTG GTTTTGATAT CGATAAAATC	5280
	ATATTCGAAA CAAATGATAA TGATCAAGAA CAAAACCTAG CTTCTTTAGA AgCACaTATT	5340
50	CAAGAAGAAG ACGAACAAAG TGCACGATTG GCAACAGAGA AACTTGAAAA AATGAAAGCT	5400
	GAAAAAGCGA AACAACAAGA TAACAACGAA AGTGCTGTCTG ATAAGTGTCA AATTGGTAAG	5460

55



	GCAATAGAGG GTGTCATTTT TGATATAAAC TTAAAAGAAC TTAAAAGTGG TCGCCATATC	5580
	GTAGAAATTA AAGTGA CTGACTGA CTATACGGAC TCTTTAGTTT TAAAAATGTT TACTCGTAAA	5640
5	AACAAAGATG ATTTAGAACA TTTTAAAGCG CTAAGTGTTG GTAAATGGGT TAGGGCTCAA	5700
	GGTCGTATTG AAGAAGATAC ATTTATTAGA GATTTAGTTA TGATGATGTC TGATATTGAA	5760
	GAGATTAAAA AAGCGACAAA AAAAGATAAG GCTGAAGAAA AGCGTGTAGA ATTCCACTTG	5820
10	CATACTGCAA TGAGCCAAAT GGATGGTATA CCCAATATTG GTGCGTATGT TAAACAGGCA	5880
	GCAGACTGGG GACATCCAGC CATTGCGGTT ACAGACCATA ATGTTGTGCA AGCATTTCCA	5940
	GATGCTCACG CAGCAGCGGA AAAACATGGC ATTAAAATGA TATACGGTAT GGAAGGTATG	6000
15	TTAGTTGATG ATGGTGTTC CATTGCATAC AAACCACAAG ATGTCGTATT AAAAGATGCT	6060
	ACTTATGTTG TGTTGACGT TGAGACAACT GGTTTATCAA ATCAGTATGA TAAAATCATC	6120
	GAGCTTGCAG CTGTGAAAGT TCATAACGGT GAAATCATCG ATAAGTTTGA AAGGTTTAGT	6180
20	AATCCGCATG AACGATTATC GGAAACGATT ATCAATTTGA CGCATATTAC TGATGATATG	6240
	TTAGTAGATG CCCCTGAGAT TGAAGAAGTA CTTACAGAGT TTAAAGAATG GGTTGGCGAT	6300
25	GCGATATTCG TAGCGCATAA TGCTTCGTTT GATATGGGCT TCATCGATAC GGGATATGAA	6360
	CGTCTTGGGT TTGGACCATC AACGAATGGT GTTATCGATA CTTTAGAATT ATCTCGTACG	6420
	ATTAATACTG AATATGGTAA ACATGGTTTG AATTTCTTGG CTAAAAAATA TGGCGTAGAA	6480
30	TTAACGCAAC ATCACCGTGC CATTATGAT ACAGAAGCAA CAGCTTACAT TTTCATAAAA	6540
	ATGGTTCAAC AAATGAAAGA ATTAGGCGTA TTAAATCATA ACGAAATCAA CAAAAAATC	6600
	AGTAATGAAG ATGCATATAA ACGTGCAAGA CCTAGTCATG TCACATTAAT TGTACAAAAC	6660
35	CAACAAGGTC TTAAAATCT ATTTAAAATT GTAAGTGCAT CATTGGTGAA GTATTTCTAC	6720
	CGTAACCTC GAATTCCACG TTCATTGTTA GATGAATATC GTGAGGGATT ATTGGTAGGT	6780
	ACAGCGTGTG ATGAAGGTGA ATTATTTACG GCAGTTATGC AGAAGGACCA GAGTCAAGTT	6840
40	GAAAAAATTG CCAAATATTA TGATTTTATT GAAATTCAAC CACCGGCACT TTATCAAGAT	6900
	TTAATTGATA GAGAGCTTAT TAGAGATACT GAAACATTAC ATGAAATTTA TCAACGTTTA	6960
45	ATACATGCAG GTGACACAGC GGGTATACCT GTTATTGCGA CAGGAAATGC AACTATTTG	7020
	TTTGAACATG ATGGTATCGC ACGTAAAATT TTAATAGCAT CACAACCCGG CAATCCACTT	7080
	AATCGCTCAA CTTTACCGGA AGCACATTTT AGAACTACAG ATGAAATGTT AAACGAGTTT	7140
50	CATTTTTTAG GTGAAGAAA AGCGCATGAA ATTGTTGTGA AAAATACAAA CGAATTAGCA	7200
	GATCGAATTG AACGTGTTGT TCCTATTAAA GATGAATTAT ACACACCGCG TATGGAAGGT	7260

55



	CTGCCTCAAA TCGTAATTGA TCGATTAGAA AAAGAATTAA AAAGTATTAT CGGTAATGGA	7380
	TTTGCGGTAA TTTACTTAAT TTCGCAACGT TTAGTTAAAA AATCATTAGA TGATGGATAC	7440
5	TTAGTTGGTT CCCGTGGTTC AGTAGGTTCT AGTTTTGTAG CGACAATGAC TGAGATTACT	7500
	GAAGTAAACC CGTTACCGCC ACACTATATT TGTCCGAAC GTAAAACGAG TGAATTTTTC	7560
	AATGATGGTT CAGTAGGATC AGGATTTGAT TTACCTGATA AGACGTGTGA AACTTGTGGA	7620
10	GCGCCACTTA TTAAAGAAGG ACAAGATATT CCGTTTGAAA CATTTTTAGG ATTTAAGGGA	7680
	GATAAAGTTC CTGATATCGA CTTAAACTTT AGTGGTGAAT ATCAACCGAA TGCCCATAAC	7740
	TACACAAAAG TATTATTTGG TGAGGATAAA GTATTCCGTG CAGGTACAAT TGGTACTGTT	7800
15	GCTGAAAAGA CTGCTTTTGG TTATGTTAAA GGTTATTTGA ATGATCAAGG TATCCACAAA	7860
	AGAGGTGCTG AAATAGATCG ACTCGTTAAA GGATGTACAG GTGTTAAACG TACAACTGGA	7920
20	CAGCATCCAG GGGGTATTAT TGTAGTACCT GATTACATGG ATATTTATGA TTTTACGCCG	7980
	ATACAATATC CTGCCGATGA TCAAAATTCA GCATGGATGA CGACACATTT TGATTTCCAT	8040
	TCTATTCATG ATAATGTATT AAAACTTGAT ATACTTGGAC ACGATGATCC AACAATGATT	8100
25	CGTATGCTTC AAGATTTATC AGGAATTGAT CCAAAAACAA TACCTGTAGA TGATAAAGAA	8160
	GTTATGCAGA TATTTAGTAC ACCTGAAAGT TTGGGTGTTA CTGAAGATGA AATTTTATGT	8220
	AAACAGGTA CATTTGGGGT ACCAGAATTC GGTACAGGAT TCGTGCGTCA AATGTTAGAA	8280
30	GATACAAAGC CAACAACATT TTCTGAATTA GTTCAAATCT CAGGATTATC TCATGGTACA	8340
	GATGTGTGGT TAGGCAATGC TCAAGAATTA ATTAAAACCG GTATATGTGA TTTATCAAGT	8400
	GTAATTGGTT GTCGTGATGA TATCATGGTT TATTTAATGT ATGCTGGTTT AGAACCATCA	8460
35	ATGGCTTTTA AAATAATGGA GTCAGTACGT AAAGGTAAAG GTTTAACTGA AGAAATGATT	8520
	GAAAGATGA AAGAAAATGA AGTGCCAGAT TGGTATTTAG ATTCATGTCT TAAAATTAAG	8580
	TACATGTTCC CTAAAGCCCA TGCAGCAGCA TACGTTTTAA TGGCAGTACG TATCGCATAT	8640
40	TTCAAAGTAC ATCATCCACT TTATTACTAT GCATCTTACT TTACAATTCG TCGGTCAGAC	8700
	TTTGATTTAA TCACGATGAT TAAAGATAAA ACAAGCATTC GAAATACTGT AAAAGACATG	8760
	TATTCTCGCT ATATGGATCT AGGTAAAAAA GAAAAAGACG TATTAACAGT CTTGGAAATT	8820
45	ATGAATGAAA TGGCGCATCG AGGTTATCGA ATGCAACCGA TTAGTTTAGA AAAGAGTCAG	8880
	GCGTTCGAAT TTATCATTTGA AGGCGATACA CTTATTCCGC CGTTCATATC AGTGCCTGGG	8940
50	CTTGCGGAAA ACGTTGCGAA ACGAATTGTT GAAGCTCGTG ACGATGGCCC ATTTTATCA	9000
	AAAGAAGATT TAAACAAAAA AGCTGGATTA TCTCAGAAAA TTATTGAGTA TTTAGATGAG	9060

55

	GAAATAATCA AGGTATTTAT TTAATGCGTA TGGCGTAGTC AAAGAAATAC AAAATTGTTG	9180
	CTGGACACAA AATTATGCCC GTATTTCTTT TCAATGTCTT ACGAGTCTAT TCAAATGTAA	9240
5	TGGTGAAATA AAGGAACAAA CTTTTACAAG AATCTCTGAT TAATAGTGAA GTCATTTGTT	9300
	TCAAGCATAA ACTTATGCTA TAATTAAGTT GCTTAAAAAT TAGTGAACTC AGGCAGAAGA	9360
	GTGGGAGATT CCCGCTCTTT TCTATTTGCC AAAAAGGGAG GCCTGTATGA GTAAAATTAC	9420
10	AGAACAAGTA GAAGTGATTG TTAAACCAAT TATGGAAGAC TTGAATTTTG AACTTGTAGA	9480
	CGTTGAATAT GTCAAAGAGG GTAGAGATCA TTTTCTTAGA ATCTCTATTG ATAAAGAAGG	9540
	TGGCGTAGAT TTAAATGATT GTACGCTAGC TTCTGAAAAA ATAAGTGAAG CTATGGATGC	9600
15	AAATGATCCT ATTCCTGAAA TGTATTATTT AGACGTAGCG TCACCTGGTG CAGAACGTCC	9660
	AATTAAAAAA GAACAAGATT TCCAAAATGC AATAACTAAA CCTGTATTTG TTTCTTTATA	9720
	TGTACCAATT GAAGGTGAAA AGGAATGGTT AGGCATTTTA CAAGAAGTCA ATAATGAAAC	9780
20	AATTGTAGTA CAAGTTAAAA TCAAAGCAAG AACGAAAGAT ATAGAGATAC CGAGAGACAA	9840
	AATAGCAAAA GCACGTCACG CAGTTATGAT TTAACGTGAT GAGGAGGAAA AAACGTGTCA	9900
	AGTAATGAAT TATTATTAGC TACTGAGTAT TTAGAAAAAG AAAAGAAGAT TCCTAGAGCA	9960
25	GTATTAATTG ATGCTATTGA AGCAGCTTTA ATTACTGCAT ACAAAAAGAA TTATGATAGT	10020
	GCAAGAAATG TCCGTGTGGA ATTAAATATG GATCAAGGTA CTTTCAAAGT TATCGCTCGT	10080
	AAAGATGTTG TTGAAGAAGT ATTTGACGAC AGAGATGAAG TGGATTTAAG TACAGCGCTT	10140
30	GTTAAAAACC CTGCATATGA AATTGGTGAT ATATACGAAG AAGATGTAAC ACCTAAAGAT	10200
	TTTGGTCGTG TAGGTGCTCA AGCAGCGAAA CAAGCAGTAA TGCAACGTCT TCGTGATGCT	10260
35	GAACGTGAAA TTTTATTTGA AGAATTTATA GACAAAGAAG AAGACATACT TACTGGAATT	10320
	ATTGACCCTG TTGACCATCG TTATGTATAT GTGAATTTAG GTCGTATCGA AGCTGTTTTA	10380
	TCTGAAGCAG AAAGAAGTCC TAACGAAAAA TATATTCCTA ACGAACGTAT CAAAGTATAT	10440
40	GTTAACAAAG TGGAACAAAC GACAAAAGGT CCTCAAATCT ATGTTTCTCG TAGCCATCCA	10500
	GGTTTATTAA AACGTTTATT TGAACAAGAA GTTCCAGAAA TTTACGATGG TACTGTAATT	10560
	GTTAAATCAG TAGCACGTGA AGCTGGCGAT CGCTCTAAAA TTAGTGTCTT CTCTGAAAAC	10620
45	AATGATATAG ATGCTGTTGG TGCATGTGTT GGTGCTAAAG GCGCACGTGT TGAAGCTGTT	10680
	GTTGAAGAGC TAGGTGGTGA AAAAATCGAC ATCGTTCAAT GGAATGAAGA TCCAAAAGTA	10740
50	TTTGTA AAAA ATGCTTTAAG CCCTTCTCAA GTTTTAGAAG TTATTGTTGA TGAAACAAAT	10800
	CAATCTACAG TAGTTGTTGT TCCTGATTAT CAATTGTCAT TAGCGATTGG TAAAAGAGGA	10860

55

	GATGCGCGTG AAGCGGGTAT CTATCCAGTA GTTGAAGCTG AAAAAGTAAC TGAAGAAGAT	10980
	GTTGCTTTAG AAGATGCTGA CACAACAGAA TCAACCGAAG AGGTAAATGA TGTTCAGTT	11040
5	GAAACAAATG TAGAGAAAGA ATCTGAATAA TAGGTTGGAG TGAAGTATCT ATGAAAAAGA	11100
	AAAAAATTCC GATGCGAAAA TGTATTCTTT CAAATGAAAT GCATCCCAA AAAGATATGA	11160
	TTCGTGTTGT TGTTAATAAA GAAGGCGAAA TCTTTGCGGA TGTTACTGGA AAGAAACAAG	11220
10	GCCGTGGCGC ATATGTTTCT AAAGATGTTG CTATGGTTGA AAAAGCACAA CAAAAAGAAA	11280
	TTTTAGAAAA ATATTTTAAA GCATCTAAAG AGCAATTGGA TCCTGTTTAC AAAGAAATTA	11340
	TTAGATTAAT TTATAGAGAA GAGATCCCAA AATGAGTATA GATCAAATAT TAAACTTTTT	11400
15	AGGATTAGCA ATGAGAGCTG GTAAAGTAAA AACAGGTGAA TCAGTCATTG TTAATGAGAT	11460
	TAAAAAAGGA AATTTGAAGC TCGTTATTGT TGCAAATGAT GCGTCTGATA ATACAGCTAA	11520
20	ATTAATTACA GATAAATGTA AGAGTTACAA AGTTCCATTC AGAAAGTTTG GAAATCGAAA	11580
	TGAATTGGGA ATAGCACTTG GAAAAGGTGA GCGTGTTAAT GTAGGGATTA CTGACCCAGG	11640
	CTTTGCTAAA AAGTTGCTAT CAATGATAGA TGAATATCAT AAGGAGTGAT TATATGAGTA	11700
25	AACAAAGAAT TTACGAATAT GCGAAAGAAT TAAATCTAAA GAGTAAAGAG ATTATAGATG	11760
	AGTTAAAAAG CATGAATATT GAGGTTTCAA ATCATATGCA AGCTTTGGAA GATGACCAA	11820
	TTAAAGCATT AGATAAAAAG TTCAAAAAG AACAAAAGAA CGACAATAAA CAAAGCACTC	11880
30	AAAATAATCA CCAAAAATCA AACAATCAA ACCAAAATAA AGGGCmACAA AAAGATAACA	11940
	AAAAGAATCm ACAACAAAAT AATAAAGGCA ACAAGGCAA TAAAAAGAAT AATAGAAATa	12000
	ATAAGAAAAA TAACAAGAAT AATAAACCAC AAAATCAACC AGCTGCTCCA AAAGAAATAC	12060
35	CATCAAAAGT GACATATCAA GAAGGTATTA CAGTAGGCGA ATTTGCGGAT AAATTAAATG	12120
	TTGAATCATC AGAAATTATC AAAAAATTAT TCTTACTTGG TATTGTTGCT AATATCAATC	12180
	AATCATTAAT TCAAGAAACA ATCGAATTAA TTGCCGATGA TTATGGCGTT GAGGTTGAAG	12240
40	AAGAAGTTGT GATTAATGAA GAAGACTTAT CAATCTATTT CGAAGACGAA AAAGATGATC	12300
	CAGAGGCAAT TGAGAGACCA GCAGTTGTAA CAATTATGGG ACATGTTGAC CATGGTAAAA	12360
	CGACTTTATT AGATTCAATT CGTCATACAA AAGTTACAGC AGGTGAAGCA GGCGGAATCA	12420
45	CTCAACATAT TGGTGCATAT CAAATTGAAA ACGATGGCAA AAAAATCACT TTCTTAGATA	12480
	CACCGGGACA TGCTGCATTT ACAACGATGC GTGCGCGTGG TGCaCAAGTA ACAGATATTA	12540
50	CTATTTTAGT AGTAGCAGCT GACGATGGTG TTATGCCACA AACAATTGAA GCAATTAACC	12600
	ATGCTAAAGA AGCagAAGTA CCAATTATTG TTGCAGTAAA TAAAATTGAT AAACCAACTT	12660

55

	GCGGCGAAAC AATTtTCGTc CACTTTCTGC ATTAAGTGGT GATGGTATCG ACGATTTATT	12780
	AGAAATGATA GGATTAGTTG CAGAAGTTCA AGAACTTAAA GCAAATCCTA AAAACCGTGC	12840
5	TGTTGGTACA GTTATCGAAG CTGAATTAGA TAAATCACGT GGTCCTTCTG CATCATTATT	12900
	AGTACAAAAC GGTACATTAA ATGTTGGTGA TGCGATTGTA GTTGGTAATA CTTACGGCCG	12960
	TATCCGTGCA ATGGTTAATG ACTTAGGTCA AAGAATCAAA ACGGCTGGTC CATCAACGCC	13020
10	TGTTGAAATT ACAGGTATTA ATGATGTGCC ACAAGCTGGG GATCGCTTTG TTGTATTTAG	13080
	TGATGAAAAA CAAGCTCGTC GTATTGGTGA ATCAAGACAC GAAGCTAGCA TTATACAACA	13140
	ACGTCAAGAA AGTAAAAATG TTTCATTAGA TAACCTGTTT GAACAAATGA AACAAGGTGA	13200
15	AATGAAAGAT TTAAACGTTA TTATTAAAGG TGATGTTCAA GGTTCTGTTG AAGCTTTAGC	13260
	TGCATCATT A TGAAAATTG ATGTTGAAGG CGTAAATGTT CGTATCATT C ATACAGCGGT	13320
20	TGGTGCAATT AATGAGTCAG ACGTGACACT TGCTAATGCC TCAAATGGTA TTATCATTGG	13380
	TTTCAATGTT CGTCCAGACA GTGGTGCAAA ACGTGCTGCA GAAGCTGAAA ATGTTGATAT	13440
	GCGTTTACAC AGAGTTATTT ATAATGTTAT CGAAGAAATT GAATCAGCGA TGAAAGGTTT	13500
25	ACTTGATCCA GAATTTGAAG AACAAGTTAT CGGACAAGCT GAAGTTCGTC AAACATTCAA	13560
	AGTTTCTAAA GTTGGTACTA TTGCTGGATG TTATGTTACT GAAGGTAAAA TTACGCGAAA	13620
	TGCTGGTGTA CGTATTATTC GTGATGGTAT TGTTCAATAT GAAGGCGAAT TAGATACACT	13680
30	TAAACGTTTC AAAGATGATG CTAAGGAAGT TGCAAAAGGT TATGAATGTG GTATTACAAY	13740
	TGAAAAC TAC AATGACCTTA AAGAAGGCGA TGTTATCGAA GCATTTGAAA TGGTTGAAAT	13800
	TAAGCGTTAA TTAAATAAAT TACAAGCTAA AAGTATAGTT AAGATTGATA TGCTCCCTAT	13860
35	AAATATTGCA CTTTTTAAGT GTCTACTTTA TAGGGAGCAT ATTTGATACT AGCTTTTGGT	13920
	TTTPTATTAG AATAGATTAC CTATTAAAAG TTACGTTATA TGGACATGAT TTTGTATAAA	13980
	ATTTTGTGGT GGCCTAGAAT GATTTTAAAT GACAAAATAT AATGTCGACT ATTATTGGAA	14040
40	AATTTTCTGT TGaAATGCCT ATCTTACGGC AAAC TTTATT TGATTTTATA GGCTTAATTT	14100
	ATTAAAATAA CGTGTGAGCT AAAATAATTG TTTAAGCATT GTTACACTAA AAAATGCAAA	14160
45	TAACAATTGA ACTTAAAGAT AAAGAGGTGA CAAGAATGAG CAGTATGAGA GCAGAGCGTG	14220
	TTGGTGAACA AATGAAGAAG GAATTAATGG ATATCATCAA CAATAAAGTC AAAGATCCTC	14280
	GAGTTGGTTT TATTACAATT ACAGATGTTG TTTTAACAAA TGATTTATCG CAGGCTAAAG	14340
50	TATTTTAAAC TGTATTAGGT AACGATAAAG AAGTAGAAAA TACATTTAAA GCACTTGATA	14400
	AAGCAAAAGG CTTCATTAAG TCTGAATTAG GTTCTAGAAT GCGATTACGT ATTATGCCGG	14460

55

	AAGATTTACA CAAACAAGAT AGATAATTTA GTGTTAGGTA TCTGGAAAAT GTTTGATAAT	14580
	TTCTTAATAT CCGTATATTA ACATTAAACA GTTAATACAT AGATGTGTAG AAATAGTTAA	14640
5	CATTTTCCAG TTTTTTTATG AATAAATTTA GTTGATACGC TATTAAAATA TATTTTAAAA	14700
	AAGAAGGTGA CTATATGTAT AATGGGATAT TACCAGTATA TAAAGAGCGC GGTTTAACAA	14760
	GTCATGACGT TGTATTCAAA TTGCGTAAAA TATTAAAAAC TAAAAAATA GGTCACACGG	14820
10	GTACGCTTGA TCCCGAAGTT GCAGGCGTGT TACCGGTATG TATAGGTAAT GCAACGAGAG	14880
	TTAGTGATTA TGTATATGGAT ATGGGCAAAG CTTATGAAGC AACTGTATCG ATAGGAAGAA	14940
	GTACAACGAC TGAAGATCAA ACGGGTGATA CATTGGAAAC AAAAGGTGTA CACTCAGCAG	15000
15	ATTTTAATAA GGACGATATT GACCGATTGT TAGAAAGTTT TAAAGGTATC ATTGAACAAA	15060
	TTCCGCCGAT GTACTCATCC GTCAAAGTAA ATGGTAAAAA ATTATATGAA TATGCGCGTA	15120
	ATAATGAAAC AGTTGAAAGA CCAAAGCGTA AAGTAAATAT TAAAGACATT GGGCGTATAT	15180
20	CTGAATTAGA TTTTAAAGAA AATGAGTGTC ATTTTAAAT ACGCGTCATC TGTGGTAAAG	15240
	GTACATATAT TAGAACGCTA GCAACTGATA TTGGTGTGAA ATTAGGCTTT CCGGCACATA	15300
	TGTCGAAATT AACACGAATC GAGTCTGGTG GATTTGTGTT GAAAGATAGC CTTACATTAG	15360
25	AACAAATAAA AGAACTTCAT GAGCAGGATT CATTGCAAAA TAAATTGTTT CCTTTAGAAT	15420
	ATGGATTAAA GGGTTTGCCA AGCATTAAAA TTAAAGATTC GCACATAAAA AAACGTATTT	15480
	TAAATGGGCA GAAATTTAAT AAAAATGAAT TTGATAACAA AATTAAAGAC CAAATTGTAT	15540
30	TTATTGATGA TGATTCAGAA AAAGTATTAG CAATTTATAT GGTACACCCT ACAAAGAAT	15600
	CAGAAATTAA ACCTAAAAAA GTCTTTAATT AAAGGAGATA GAATTTATGA AAGTCATAGA	15660
35	AGTGACACAT CCTATACAAT CTAAACAGTA TATTACAGAG GATGTTGCAA TGGCATTCCG	15720
	ATTTTTCGAT GGCATGCATA AAGGTCATGA CAAAGTCTTT GATATATTAA ACGAAATAGC	15780
	TGAGGCACGC AGTTTAAAAA AAGCGGTGAT GACATTTGAT CCGCATCCGT CTGTCGTGTT	15840
40	GAATCCTAAA AGAAAACGAA CAACGTATTT AACGCCACTT TCAGATAAAA TCGAAAAAAT	15900
	TAGCCAACAT GATATTGATT ATTGTATAGT GGTTAATTTT TCATCTAGGT TTGCTAATGT	15960
	GAGCGTAGAA GATTTTGTTG AAAATTATAT AATTAAAAAT AATGTAAAAG AAGTCATTGC	16020
45	TGGTTTTGAT TTTACTTTTG GTAAATTTGG AAAAGGTAAT ATGACTGTAC TTCAAGAATA	16080
	TGATGCGTTT AATACGACAA TTGTGAGTAA ACAAGAAATT GAAAATGAAA AAATTTCTAC	16140
	AACTTCTATT CGTCAAGATT TAATCAATGG TGAGTTGCAA AAAGCGAATG ATGCTTTAGG	16200
50	CTATATATAT TCTATTAAAG KCACTGTAGT GCAAGGTGAA AAAAGGGGAA GAACTATTGG	16260

55



	TGCTGTTAGT ATTGAAATCG GCACTGAAAA TAAATTATAT CGAGGGGTAG CTAACATAGG	16380
	TGTAAAGCCA ACATTTTCATG ATCCTAACAA AGCAGAAGTT GTCATCGAAG TGAATATCTT	16440
5	TGACTTTGAG GATAATATTT ATGGTGAACG AGTGACCGTG AATTGGCATC ATTTCTTACG	16500
	TCCTGAGATT AAATTTGATG GTATCGACCC ATTAGTTAAA CAAATGAACG ATGATAAATC	16560
	GCGTGCTAAA TATTTATTAG CAGTTGATTT TGGTGATGAA GTAGCTTATA ATATCTAGAG	16620
10	TTGCGTATAG tTATATAAAC AATCTATACC ACACCTTTT CTTAGTAGGT CGAATCTCCA	16680
	ACGCCTAACT CGGATTAAAGG AGTATTCAAA CATTTTAAGG AGGAAATTGA TTATGGCAAT	16740
	TTCACAAGAA CGTAAAAACG AAATCATTAA AGAATACCGT GTACACGAAA CTGATACTGG	16800
15	TTCACCAGAA GTACAAATCG CTGTACTTAC TGCAGAAATC AACGCaGTAA ACGAACACTT	16860
	ACGTACACAC AAAAAAGACC ACCATTACAG TCGTGGATTA TTAAAAATGG TAGGTCGTCCG	16920
20	TAGcATTTaT TAAACTACTT ACGTaGTAAA GATATTCAAC GTTACCGTGA ATTAATTAAA	16980
	TCACTTGGTA TCCGTCGTTA ATCTTAATAT AACGTCTTTG AGGTTGGGGC ATATTTATGT	17040
	TCCAACCTTA ATTTATATTA AAAAAGCTTT TTACAAATAT TAACATTTAT TATATGTTAA	17100
25	GCTAATATTG AGTGAATAAT AAGGTTACAA TGAGATAAAG ATGATATAAG TACACCTAGA	17160
	GTAATAATCA AGATATTAAA AATAAAGTAT GTTTTTTTAA AAAATATAAC TTATATTTAT	17220
	ACTGATAAGG GTGGGACGAT AAGTCTATTT TGTAATAAT AGATGGATAT CCCGCTCTCT	17280
30	TTTTTTCCAA TTCAATATTT TATAACTAAT ATTAAAATAC GATAATAAAT GATATGATAT	17340
	AACTATTAGA TTCAAGAGAG GAGATTTATA ATGTCTCAAG AAAAGAAAGT TTTTAAACT	17400
	GAATGGGCAG GAAGATCTTT AACGATTGAA ACAGGGCAAT TAGCTAAACA AGCAAATGGC	17460
35	GCTGTATTGG TTCGTTATGG AGATACAGTC GTGTTATCGA CGGCAACTGC ATCAAAAGAA	17520
	CCTCGTGATG GAGATTTCTT CCCATTAACA GTGAACTATG AAGAAAAAAT GTACGCTGCG	17580
	GGTAAATTC CTGGTGGATT TAAAAAGAGA GAAGGACGTC CTGGTGACGA TGCAACATTA	17640
40	ACTGCGCGAT TAATTGATAG ACCAATTAGA CCTTTATTCC CTAAAGGATA TAAGCATGAT	17700
	GTTCAAATTA TGAACATGGT ATTAAGTGCA GATCCTGATT GTTCACCACA AATGGCTGCA	17760
45	ATGATTGGTT CATCTATGGC GCTTAGTGTG TCGGATATTC CATTCOAAGG GCCAATCGCC	17820
	GGTGTAATG TGGGTTATAT TGACGGTAAA TATATCATT ACCCAACAGT AGAAGAAAAA	17880
	GAAGTTTCTC GTTTAGACCT TGAAGTAGCT GGTCAATAAG ATGCGGTAAA CATGGTAGAG	17940
50	GCAGGCGCTA GTGAGATTAC TGAACAAGAA ATGTTAGAGG CGATTTTCTT TGGTCATGAA	18000
	GAGATTCAAC GTTTAGTTGA TTTCCAACAA CAAATCGTCG ACCACATTCA ACCTGTTAAA	18060

55



	GAAGAAAAAG GACTTAAAGA AACAGTTTTA ACATTTGATA AACAACAACG AGATGaAAAT	18180
	CTTGATAACT TAAAAGAAGA AATCGTCAAT GAATTTATCG ATGAAGAAGA TCCAGAGAAT	18240
5	GAaTTACTTA TTAAAGAAGT TTATGCAATT TTAAATGAAT TAGTGAAAGA AGAAGTTCGA	18300
	CGTTTAATTG CAGATGAAAA AATTAGACCA GACGGCCGTA AACCTGATGA AATCCGTCCA	18360
	TTAGATTCTG AAGTTGGTAT TTTACCTAGA ACGCATGGTT CAGGTCTATT TACACGTGGT	18420
10	CAGACTCAAG CACTTTCAGT TTTAACATTA GGTGCTTTAG GCGATTATCA ATTAATTGAT	18480
	GGTTTAGGAC CTGAAGAAGA AAAAAGATTC ATGCATCATT ACAACTTCCC GAATTTTTCA	18540
15	GTAGGTGAAA CTGGTCCAGT ACGTGCGCCA GGTGCTCGTG AAATTGGACA TGGTGCGTTA	18600
	GGTGAAAGAG CATTAAAATA TATTATTCCT GATACTGCTG ATTTCCCATTA TACAATTCGT	18660
	ATTGTAAGTG AGGTACTTGA ATCAAATGGT TCATCATCTC AAGCGTCAAT TTGTGGATCA	18720
20	ACATTAGCAT TAATGGATGC GGGCGTACCG ATTAAAGCAC CAGTTGCTGG TATTGCTATG	18780
	GGCCTTGTTA CACGTGAAGA TAGCTATACG ATTTTAACTG ATATCCAAGG TATGGAAGAT	18840
	GCATTAGGTG ATATGGACTT TAAAGTCGCT GGTACTAAAG AAGGTATTAC AGCAATCCAA	18900
25	ATGGATATTA AAATTGACGG TTTAACGCGT GAAATTATCG AAGAGGCTCT AGAACAAGCG	18960
	AGACGTGGTC GTTTAGAAAT AATGAATCAT ATGTTACAAA CAATTGATCA ACCACGTACT	19020
30	GAATTAAGTG cTTACGCGCC AAAAGTTGTA ACTATGACAA TTAAACCAGA TAAGATTAGA	19080
	GATGTTATCG GACCTGGTGG TAAAAAATT AACGAAATTA TTGATGAAAC AGGTGTTAAA	19140
	TTAGATATTG AACAAGATGG TACTATCTTT ATTGGTGCTG TTGATCAAGC TATGATAAAT	19200
35	CGTGCTCGTG AAATCATTGA GGAAATTACA CGTGAAGCGG AAGTAGGTCA AACTTATCAA	19260
	GCCACTGTTA AACGTATTGA AAAATACGGT GCGTTTGTAG GCCTATTCCC AGGTAAAGAT	19320
	GCGTTGCTTC ACATTTTACA AATTTCAAAA AATAGAATTG AAAAAGTGGA AGATGTATTA	19380
40	AAAATCGGTG ACACAATTGA AGTTAAGATT ACTGAAATTG ATAAACAAGG TCGAGTAAAT	19440
	GCTTCACATA GAGCATTAGA AGAATAATAT TTAAAGTCAT ATGACGACAA TGTATCGTCA	19500
45	TGTGATTTTT TTATGCCACT TTTTACGAAG TGACCCGTTT TGAATTTGTT GTATTGAACA	19560
	TTTTAAAACG CTTTATTATT TTGTGTGCAA CTGTTAATTA TCCTGTATGT ATAGTGATTA	19620
	ATAGTGATCA TCAAGTGTTT TTTAACTTAT AATGAATAGT GAGTTTATAT ATGGACGGGT	19680
50	AACAAATTTA GGAGGTAAGA TTTTGAGTTT AATAAAGAAA AAGAATAAAG ATATTCGCAT	19740
	TATACCATTA GCGGTGTTG GCGAAATTGC TAAAAATATG TATATCGTTG AAGTAGACGA	19800
	TGAAATGTTT ATGTTAGATG CTGGACTTAT GTTCCAGAA GACGAAATGC TAGGTATTGA	19860

55

	CCTTACACAC	GGACATGAGC	ACGCGATTGG	TGCAGTGAGT	TATGTTTTAG	AACAATTAGA	19980
	TGCACCAGTA	TATGGATCTA	AATTGACAAT	AGCGTTAATT	AAAGAAAATA	TGAAAGCCCCG	20040
5	TAATATTGAT	AAAAAAGTTC	GCTACTATAC	AGTTAATAAT	GATTCAATTA	TGAGATTCAA	20100
	AAACGTGAAT	ATTAGTTTCT	TTAATACGAC	ACACAGTATT	CCTGATAGTT	TAGGTGTTTG	20160
	TATTCACACT	TCATATGGTG	CCATTGTGTA	TACAGGTGAA	TTTAAGTTTG	ACCAAAGTTT	20220
10	ACATGGACAT	TATGCACCAG	ATATTAAACG	TATGGCAGAG	ATTGGTGAAG	AAGGCGTATT	20280
	TGTCTTAATC	AGTGATTCTA	CTGAGGCAGA	GAAACCTGGA	TATAATACTC	CGGAAAATGT	20340
	GATTGAACAT	CATATGTATG	ATGCTTTTGC	AAAAGTGCGA	GGTCGCTTGA	TAGTTTCATG	20400
15	TTATGCTTCG	AACTTTATAC	GTATTCAGCA	AGTTTTAAAT	ATTGCTAGCA	AGCTAAATCG	20460
	TAAAGTGTC	TTTTTAGGAA	GATCACTTGA	AAGTTCATTT	AATATTGCTC	GTAAAATGGG	20520
20	GSTATTCGAC	ATTCCTAAAG	ATTTGCTAAT	TCCTATAACA	GAAGTTGATA	ATTATCCTAA	20580
	AAATGAAGTG	ATAATTATAG	CTACTGGTAT	GCAAGGAGAA	CCTGTAGAAG	CCTTAAGTCA	20640
	AATGGCGCAA	CATAAGCATA	AAATTATGAA	TATCGAAGAA	GGCGATTCTG	TATTTTTAGC	20700
25	AATTACGGCT	TCTGCTAATA	TGGAAGTTAT	CATTGCGAAT	AcATTAAATG	AGCtTgTtAC	20760
	GnCTGGCGCA	CATATTATTC	CAAATAACAA	AAAGATTCAT	GCTTCAAGTC	ATGGTTGCAT	20820
	GGAAGAATTA	AAAATGATGA	TTAATATTAT	GAAACCTGAA	TACTTTATTC	CTGTACAAGG	20880
30	TGAATTTAAA	ATGCAGATAG	CACATGCGAA	GCTAGCAGCT	GAAGCAGGTG	TTGCACCAGA	20940
	AAAGATTTTC	CTTGTGGAAA	AAGGAGATGT	CATTAATTAC	AACGGTAAAG	ATATGATATT	21000
35	AAATGAAAAG	GTAAATTCAG	GAAATATTTT	AATAGATGGC	ATTGGTATTG	GGGATGTAGG	21060
	AAATATCGTG	TTGAGAGACC	GTCATCTTTT	AGCAGAAGAT	GGTATCTTTA	TTGCTGTTGT	21120
	AACGTTAGAT	CCTAAAAATA	GACGTATAGC	TGCGGGACCT	GAAATTCAAT	CTCGTGGGTT	21180
40	TGTATATGTA	CGTGAAAGTG	AAGACTTATT	ACGTGAAGCA	GAAGAGAAAG	TACGTGAAAT	21240
	AGTAGAGGCT	GGTTTACAAG	AAAAACGCAT	AGAATGGTCT	GAAATTAAAC	AAAATATGCG	21300
	TGATCAAATT	AGTAAACTAT	TATTCGAAAG	TACAAAACGT	CGTCCTATGA	TTATTCCAGT	21360
45	AATTTCTGAA	ATTTAATCAA	AAAGTCATTA	ACATAAAAGA	GGTCAGAACA	AGTCACTGAA	21420
	ATATAATGGT	TGTCATGGAC	AATTTACTTA	TATTTTATGA	TAGTCAATTG	AAGGGGTAAC	21480
50	GATTAATCTG	TTATCTTAAG	TAAATTGATA	CATAGATGAT	ATTGTTCTAA	CCTCTTTCAT	21540
	CGTCTGTTTG	GACTACATAT	TCTAAACATC	AAATAGGAAA	TTATATATAA	TAACGTCGTT	21600
	TTAACTAAGG	CAACATAAGG	AGGTGCGTCA	ATTGGCACAA	GCAAAAAAGA	AATCGACAGC	21660
55							

GATACGTTAT GTCATAGCTA TTTTAGTAGT TGTATTAATG GTGTTGGGTG TTTTCCAATT 21780  
 AGGAATAATA GGTCGTCTAA TTGACAGCTT CTTTAATTAT TTATTTGGGT ACAGTAGATA 21840  
 5 TTTAACATAT ATTTTAGTAC TCTTAGCAAC TGGTTTTATT ACATACTCTA AACGTATTCC 21900  
 TAmAaCTAGA CGAACGGCTG GTTCGATTGT ATTGCAAATT GCATTGCTAT TTGTATCACA 21960  
 GTTAGTTTTT CATTTTAATA GTGGTATCAA AGCTGAAAGA GAACCTGTAC TTTCTTATGT 22020  
 10 GTATCAGTCA TACCAACACA GTCATTTCCT AAATTTTGGT GGCGGTGTAT TAGGCTTTTA 22080  
 TTTATTAGAG TTAAGCGTAC CTTTAATTC ATTATTTGGT GTATGTATTA TTACTATTTT 22140  
 ATTATTATGC TCAAGTGTTA TTTTATTAAAC AAACCATCAA CATCGTGAAG TTGCAAAAGT 22200  
 15 TGCACTGGAA AATATAAAAG CTTGGTTTGG TTCATTTAAT GAA 22243

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 165:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5510 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 165:

TTATTAATnA TTAATATTTT TATTTTAA AATAAAGCGA GGAGCTATCA ATGGAACAAA 60  
 30 TTAATTCTGC ACAAATAAT AGAATTAAAC AAGCGAACAA GCTAAAmAG AAACGTGAGA 120  
 GGGATAAAAC TGGATTAGCT TTAATTGAAG GTGTGCATTT AATTGAAGAA GCTTATCAAA 180  
 35 GTGGAATTGT AATTACACAA TTATTTGCAA TTGAACCGGC AAGATTAGAT CAGCAAATTA 240  
 WCGCATACGC GCAAGAAGTT TTTgAAATAA ACATGAAAGT TGCTGAATCT TTATCAGGTA 300  
 CAGTGACACC ACAAGGGTTT TTCGCAATCA TTGAGAAGCC GCATTATGAT ATTTCTAAAG 360  
 40 CACAACAAGT ATTGCTCATC GATCGTGTTT AAGATCCTGG AAATTTAGGC ACATTAATTA 420  
 GAACTGCGGA TGCTGCTGGA ATGGATGCTG TAATAATGGA GAAGGGTACG ACAGATCCTT 480  
 ATCAAGATAA AGTGTTGCGA GCGAGTCAAG GTAGTGTTTT CCATTGCCA GTTATGACAC 540  
 45 AAGATCTCGA TACGTTTATT ACTCAATTTA ATGGTCCTGT TTATGGTACA GCACTTGAAA 600  
 ACGCAGTGgC ATACAAAGAA GTTACTTCAA GTGATTCTTT TGCATTACTA TTAGGTAATG 660  
 50 AGGGAGAAGG TGTTAATCCT GAATTATTAG CACATACTAC ACAAATTTA ATCATACCTA 720  
 TTTATGGTAA AGCTGAAAGT TTAAATGTAG CGATTGCAGG TAGTATTTTA CTTTATCATT 780  
 TGAAAGGTTG ACCGTGTTGA AAGTTTTCCG ATATAATTAT AATTAATTGT TTAACAGAAC 840

	ATAAATAATT GTTTTAGGGA GAATAATCGT GACTGCAAGT TATTCCAATT ATTTAAAGTC	960
	TTTTCACCTT TTTGGTTACT TAAAGAGATT TAAGTCGGAA AGACAATCCG TTATCAATAT	1020
5	TAAACAAGTG TATGCTTAGG CATAAATTTG GGTGGTACCA CGGAAATGAC TTTCGTCCCT	1080
	TATTTTTTAA GAGGATGAAA GTCTTTTTTT AGTTAAACAA CAAATATGAT AAATAGAAAA	1140
	TGAATAGTTC GAATAGGGAG GTCAGTGACA TATGTCTGAA CAACAAACAA TGTCAGAGTT	1200
10	AAAACAACAA GCGCTTGTAG ATATTAATGA AGCAAATGAT GAACGTGCAC TGCAAGAAGT	1260
	TAAAGTGAAA TACTTAGGTA AAAAAGGGTC AGTTAGCGGA CTAATGAAAT TGATGAAGGA	1320
	TTTGCCGAAT GAAGATAAAC CTGCGTTTGG TCAAAAAGTG AATGAATTGC GTCAAACAAT	1380
15	TCAAAATGAA TTAGATGAAA GACAACAGAT GTTAGTTAAA GAAAAATTAA ATAAGCCAAT	1440
	TGGCTGAAGA AACAAATTGAT GTATCATTAC CAGGTCGTCA TATTGAAATC GGTTCAAAGC	1500
20	ATCCATTAAC ACGTACAATA GAAGAAATTG AAGACTTATT CTTAGGTTTA GGTTATGAAA	1560
	TTGTGAATGG ATATGAAGTT GAACAAGATC ATTATAACTT CGAAATGCTG AATTTACCTA	1620
	AATCACACCC TGCACGTGAT ATGCAAGATA GTTCTATAT TACGGATGAA ATTTTATTAC	1680
25	GTACGCATAC ATCACCAGTG CAGGCACGTA CGATGGAATC ACGTCATGGT CAAGGTCCAG	1740
	TTAAAATTAT TTGCCCTGGT AAAGTGTATC GTCGTGACTC TGATGATGCG ACACATAGTC	1800
	ATCAATTTAC ACAAATCGAA GGATTAGTTG TTGATAAAAA CGTTAAAATG AGTGATTGA	1860
30	AAGGTACTTT AGAATTGTTA GCTAAGAAAT TATTTGGTGC TGATCGTGAA ATTCGTTTAC	1920
	GTCCAAGTTA CTTCCCATTC ACTGAACCTT CTGTAGAAGT TGATGTGTCA TGTTTTAAAT	1980
35	GTAAAGGAAA AGGTTGTAAT GTGTGTAAAC ACACAGGATG GATTGAAATT TTAGGTGCTG	2040
	GAATGGTACA TCCTAATGTA TTAGAAATGG CTGGTTTTGA TTCTTCAGAG TACTCTGGAT	2100
	TTGCATTTGG TATGGGACCA GACCGTATTG CAATGTTGAA ATATGGTATA GAAGATATTC	2160
40	GTCATTTCTA TACTAATGAT GTGAGATTTT TAGATCAATT TAAACGGTA GAAGATAGAG	2220
	GTGACATGTA ATGTTGATAT CAAATGAATG GTTGAAAGAA TATGTAACAA TCGATGATTC	2280
	TGTAAGTAAT TTGGCAGAAC GTATTACGCG CACAGGTATT GAAGTGGATG ATTTAATTGA	2340
45	CTACACAAAA GATATCAAAA ATTTAGTTGT CGGCTTCGTT AAGTCAAAAG AGAAACATCC	2400
	TGATGCTGAT AAATTAAATG TTTGCCAAGT TGATATCGGA GAAGACGAAC CTGTACAAAT	2460
	CGTTTGTGGT GCACCGAACG TTGATGCAGG ACAATATGTC ATTGTTGCTA AAGTAGGTGG	2520
50	CAGATTGCCT GGTGGTATTA AAATTAAGCG TGCCAAATTA CGCGGTGAAC GTTCAGAAGG	2580
	TATGATTTGT TCGTTACAAG AAATFGGTAT TTCAAGTAAC TATATACCGA AAAGTTTTGA	2640
55		

	ATATTTAGAT GATCAAGTAA TGGAATTTGA TTTAACGCCG AATCGTGCAG ATGCTTTAAG	2760
	TATGATAGGT ACTGCTTATG AAGTTGCAGC ATTATATAAT ACAAAAATGA CTAAGCCAGA	2820
5	GACAACATCA AATGAGCTTG ATTTATCTGC AAATGATGAA CTGACTGTGA CAATTGAAAA	2880
	TGAAGATAAA GTACCATATT ATAGTGCACG TGTGTTCAC GACGTGACAA TTGAACCCCTC	2940
	GCCAATTTGG ATGCAAGCAC GCTTAATAAA AGCGGGTATA CGTCCTATTA ATAATGTTGT	3000
10	TGACATTTCA AATTATGTGT TATTAGAATA CGGTCAACCA TTGCACATGT TTGATCAAGA	3060
	TGCGATTGGT TCACAACAAA TTGTTGTTCG TCAAGCTAAT GAAGGCGAAA AAATGACAAC	3120
	ATTAGATGAT ACAGAACGTG AATTATTAAC GAGCGATATT GTCATTACTA ATGGACAAAC	3180
15	TCCAATTGCA TTAGCTGGTG TTATGGGTGG CGATTTTTC AAGTTAAAG AACAAACATC	3240
	AAATATAGTG ATTGAAGGTG CTATTTTGA TCCAGTTTCA ATTCGTCATA CATCAAGACG	3300
20	TTTAAATTTA CGCAGTGAAT CATCTAGTCG TTTTGAAAAA GGAATAGCTA CTGAATTTGT	3360
	AGATGAAGCA GTCGACCGTG CATGTTATTT ATTACAACT TATGCAAACG GAAAAGTGCT	3420
	AAAAGATAGA GTGTCTTCAG GAGAACTTGG TGCATTTATT ACACCAATCG ACATCACTGC	3480
25	TGATAAAATT AATCGCACTA TTGGATTTGA TTTGTCACAA AATGATATTG TTACTATTTT	3540
	TAATCAACTA GGGTTTGATA CAGAAATAAA TGATGATGTT ATTACAGTGC TAGTACCATC	3600
	ACGTCGTAAA GATATTACAA TTAAAGAAGA TTTAATTGAA GAAGTTGCAC GTATATATGG	3660
30	ATACGACGAT ATTCCATCAA CGTTACCTGT CTTGATAAA GTTACTAGTG GTCAGCTAAC	3720
	TGATCGCCAA TATAAACTA GAATGGTTAA AGAAGTGTTA GAAGGTGCTG GATTAGACCa	3780
35	AGCTATTACG TATTCGTTAG TTTCTAAAGA AGATGCTACT GCaTTTTTCGA TGCAACAGCG	3840
	TCAAACAATT GATTTATTGA TGCCAATGAG TGAAGCGCAT GCGTCATTAC GTCAAAGTTT	3900
	ATTACCACAT TTAATCGAAG CGGCATCATA TAATGTGGCA CGCAAAAATA AAGATGTAAA	3960
40	ATTATTTGAA ATCGGCAATG TCTTCTTTGC TAATGGAGAA GGTGAACTAC CAGATCAAGT	4020
	TGAATATTTA AGTGGTATTT TAACTGGAGA TTATGTAGTC AATCAATGGC AAGGTAAGAA	4080
	AGAAACGGTT GATTTCTATT TAGCAAAAGG TGTCGTGGAT CGAGTATCTG AAAAGTTAAA	4140
45	TCTTGAATTT AGTTATCGCC GTGCTGATAT TGaTGGATTA CATCCAGGTC GTACTGCTGA	4200
	AATCTTATTA GAGAATAAAG TTGTTGGTTT TATTGGTGAA TTACATCCAA TATTAGCAGC	4260
	TGATAATGAT TTAAAACGTA CGTATGTTTT TGAGTTGAAT TTTGATGCAT TAATGGCTGT	4320
50	GTCGGTAGGT TACATTAATT ACCAGCCAAT TCCGAGATTC CCAGGCATGT CTCGTGACAT	4380
	TGCATTAGAA GTAGATCAAA ATATTCCAGC AGCTGATTTA TTATCAACGA TTCATGCACA	4440
55		



AAAAGGTAAA AAATCAATTG CAATACGTTT AAATTATTTA GACACAGAAG AACATTGAC 4560  
 AGATGAGCGC GTTTCAAAAG TACAAGCGGA AATTGAAGCA GCATTAATTG AACAAGGTGC 4620  
 5 TGTTATTAGA TAATGATTTA AACCCCATGT ATAAGGATAT CTGAAGTAGA TTGATATCCC 4680  
 TAACATGGGG TTTTATTTTT GGGTTCACCA ATTTGGTTCC AATGCATTTA AAAAGTCAAA 4740  
 GAGGAACAGC GGAATACAGA TGATGcTTCG CACAACCTGCA TAAAAGCCTC TAATGATTAA 4800  
 10 AAATCAAAGA GGCTTTAAAA TTTTGTGGGC TTTTTCACGA TTTTAAAT GCTTTTTTGA 4860  
 AATGGTATCT AAACGTGAAA GACCGTATTT TTTTATAATT TTGGCGGCGA TTACATCGAC 4920  
 TTTAGCACCG GCACCTTTAG GAATCGTCAT ATTAATATTT TTTGATATTT GATCCATATA 4980  
 15 TGTAACAAAT GCGTATCGAG AAATTATGCT TGCCACTGCA ATGGCTAATG ACTTCGATTC 5040  
 TCCTTTTGTT TCAAATTTTG TTTTCTTTGG AAGTGGTATA TCTGATAATG CGTAATGGCT 5100  
 20 ATACACTTCG CGTTTTGCGA ACTGATCAAT GACGATATAG TCTAATTGAG ACGAATCAAT 5160  
 TTTTCAAGT ACATTTTGA TGGCTTCATT ATGAAGGGCA GCTTTCATTT TTAATTGAGT 5220  
 CCAGCCTTTT GCTTGCTGAA TATTATATTT TTCATTGTGT AGTGTTAATA ATGAATGTGG 5280  
 25 TATGAAAGTA ACCAATTGCT CAGCAAGTTC TACAATTTTG GTATCGGTTA ATTTTTTTGA 5340  
 ATCATCTACA CCCAAAGTTT TTAATAAGG GACATGCTCT TTGGTAACGA AAGCAGCACA 5400  
 CACAGTCAAC GGACCAAAGT AATCGCCACT TCCAGCCTCA TCACTACCAA TACAGTTAAA 5460  
 30 TTGrTCATAC ATTAaAGTTg TcCagAAAAG AATTAGCCAT ATTTnCCTTT 5510

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 166:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 9623 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

40 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 166:

GntTATACTT ATAAATTTTA CGGGGGTAAT ATAATACTtA TTTACCTGTA ATATATGATA 60  
 45 ATTCTTCAGC GGCAGCTGCG TTGATAGTTC TATGAGAAAT GATACCTAAT CCTTTAACAT 120  
 TGGATTCTGA AATAACGATA GAACCATCAC TGTTAACTTT TTCAACAAAT GCTACATGAC 180  
 CGTAATGTTG ATCTGCACCA AATTGTCCAG CCTCAAATAC AACAGCAGCA TGACGTTTTG 240  
 50 GTGTATGACT TACTTGATAA TCACGGTATT GAGCTCGATT ATTCCAATTA TGTGCATCAC 300  
 CTAAATCACC TGAGATAGAT GTACCAAATT GTTTCATACG GTTATATACG TACCAAGTAC 360

55



	ATGAATCATC ATAATCCTTG ATAGAACGTT CATATTTATC TAAATCTGGC ATGCGTTCAT	480
	CGTCAAACCTG AGTTAATTGA TAGTGTTTAA TAATACTGTT TAATTTCTTA GCATAGTTTG	540
5	GATCTGTAGC ATATGTTTTA GATAAGTGTG ATGTTGCATC TTTATAAGAA TCGGCTTCCG	600
	ATTTCCATGT TGGTTTATAA ATTGTTTCGAT TGCCATCAAT ACCATTTTTA ATAAGGTCAG	660
	AGTAATCTTT TAGTGATTCT TTCGTGCTTG GATATTTTCG GAATCCAGCA TTAATACTAT	720
10	ACAATTGATT ACCATCAGCT TCTAATGTGT TAAAAGGAAC AGAATTCCTT TCaAAAGCAC	780
	CTTTGATACC GAATAAATTA TGGTTTGGTG ACWTAGCTAA AGCACTACGA CCTGAGTCAG	840
15	ATTCTAAGAT TGCTTGGGCA ATCATGACAG ACGCATAAAT ATCGTTATCT TGACCAATGC	900
	GATGTGCATC TTTAGCAATT GATTTGACAA ATTGACGTGT ATCTTTTGAG TCAACAACGT	960
	TAAATTGTCC GCTATCATCA TTGTTAGATA TACTAGGATC TGTTTCGAAT AATGATGTTG	1020
20	CACGTGTATC CTTTTGATTA ACATCGTTAT TGAATGATTG AGCAGGTTTA GATTTATGTT	1080
	TCAATTCATC TTGTGTTGGT AACTGTGGAT TCTTTGTATT AGATTTTTCa TTTTGTCTT	1140
	TTTTAGATTG AGATGCATAA TCTTTTGTG TTTTCTTGC ATCTTCACTG TATTGATCCA	1200
25	AAATAGAGTC TAAAGCCGAA TCTGACATTG ATTGATTATC TTTCGATGAA GATTTTTGAT	1260
	TTGCTTTATC GTCACCTGCT GGTTGACTAT TTGATTGATT AGGTTGTGTT GGCTTTGGCG	1320
	AATTGTTTG CTTATTAGAT GTACTTGGTT TTGTATTGTT TGATTTAGGT GCTTTTTGAT	1380
30	TGTCTGCTTT ATCTTGTTTA GATGATTGCG TATCAGTGTC ATTTTGTATG CTATTGTCAC	1440
	TGTTTTTATT CGAATCATTT GTTGACTTTT CGCCATTACG AGGTTGTTTCG TAATCAGAAA	1500
35	TATCCGAATT TAAATTGAAT AAGTTTTGGA TTAAAGTTGT TAATGAGTAA TTATCATCGT	1560
	ATTTATTTTT GGTTAGCAAT TGGTTTATAT TGGTTTGTGG TAAATTCTTA TAAATAAAAT	1620
	CAATGATATT GTTAGAGTCT GAAGTGCTGT CGTCTATAGT TTAAATTTT TTGTCGTTAT	1680
40	TGTCTTGGTT ACTTGTATTA TTTTGTCTG CTTTATCAAT ATCTTTACTT GTAGTATCCT	1740
	TAGAAGTTTC ATCGTCATTA GATTTTTTTG AATCATGAGA TGTTGTCTTA GCTGTAGTAT	1800
	CTTTTTGAGG TGTATCAGCA TAAGCGgTAG GTGAAaCTAA AGTAGGTAAT ACGAGCGTAG	1860
45	TTGATAGCAA ATAAATTAAA ATTTTATTTT TAGGCATATT TCGTATTCTC CCTTGAAAAA	1920
	TATAATAATT AAGTGTGATA ATAAACTATG ATTTGTTATA ATTTATCGTA TGCTGAAAAT	1980
50	AGTTGATAGG TATCAATCGA CTAAATATCT TCCAGTAAAT TGATTATACT AATTCACAAC	2040
	GCAAAAATAA ATTAATTTAC AAAAAATATA TAAAAAATAT GAATAATTCC TACATAGGAG	2100
	TGTGACAATG AAGAACGCAT TTAAATTATT TAAATGGAT CTGAAGAAAG TAGCTAAGAC	2160
55		

	TAAC TTATGG GCAATGTGGG ATCCATATGG CAACACGGGA CACATCAAGG TCGCAGTCGT	2280
	TAATGAAGAT AAAGGCGACA CAATCAGAGG GAAAAAAGTT AATGTCGGTA ATACGATGGT	2340
5	TAATACACTC AAGAAAAATA AAAGTTTTGA TTGGCAGTTT GTAAGTAGAG AGAAAGCTGA	2400
	TCATGAGATA AAAATGGGTA AATATTTTGC AGGTATTTAC ATCCCATCTA AGTTTACACA	2460
	TGAAATTACA GGGACACTAC GTAAGCAGCC TCAAAAAGCA GATGTAGAAT TTAAGGTGAA	2520
10	TCAGAAGATT AACGCTGTTG CGTCTAAGCT AACAGATACT GGTTCGTCAG TTGTCGTTGA	2580
	AAAAGCGAAT GAACAATTTA ATAAAACAGT AACTCGAGCA TTATTAGAAG AAGCTAACAA	2640
15	AGCAGGTTTA ACTATTGAAG AAAATGTGCC GACAATTAAC AAGATAAAAA ATGCGGTATA	2700
	TTCAGCAGAT AAAGCTTTAC CTAAGATTAA TGA CTTT GCG AATAAAATTG TATATTTGAA	2760
	TAACCACCAA GCGGATTTAG ATAAATATGC CAATGATTTT AGAAACTAG GAAATTATAA	2820
20	AGGTGATATT TTAGATGCTC AGAAAAAATT AAACGAAGTC AATGGTGCTA TTCCGCAACT	2880
	TAATGAAAAG GCTAAGTTGA TATTAGCTTT AAATAATTAT ATGCCGAAAA TTGAAAAAGC	2940
	GTTAAATTTT GCAGCTGATG ACGTGCCAGC GCAGTTCCT AAAATTAATC AAGGACTTAA	3000
25	CATTGCGAGT CAAGGTATTG ATCAAGCTAA TGGACAGTTA AATGATGCCA AAGGCTTCGT	3060
	CACACAAGTT AGAAGTAGAG TCGGTGATTA TCAAGATGCA ATTCGACGCG CGCAAGATTT	3120
	AAATCGAAGA AACCAGCAAC AGATTCCTCA AAATAGCGCG GCGAACAACG AAACATCAAA	3180
30	TAGTGCACCT GCAGCTGGTA ATGGTGTAGC ATCAACGCCA CCAAGTGCAC CAAGTGGCGA	3240
	TACTGCACCA AATAATAATG TTACGCAAAA TACCGCACCA AATAGTAATA ATGCGCCTGT	3300
35	ATCGACTACA CCACAAAGTA CAAGCGGGAA AAAAGATGGT CAAAGTTTTG TAGATATAAC	3360
	AACAACACAA GTCAGCACAG CTAACGAGAA CACACAAAAC ATTACAGATA AAGATGTTAA	3420
	ATCAATGGAA GCGGCATTAA CGGGCTCTTT ATTATCATT TCAAATAATT TAGATACCCA	3480
40	AGCGAAAGCC GCACAAAAG ATAGTCAGGC ATTACGTAAT ATTCGTATG GGATTTTAGC	3540
	ATCGGACAAG CCTTCTGATT TTAGAGAGTC TTTAGATAAT GTTAAGTCCG GTTTAGAATA	3600
	CACAACGCAA TATAATCAAC AATTTATCGA TACATTAAAA GAGATTGAGA AGAATGAAAA	3660
45	TGTTGATTTA TCAAAAGAAA TTGATAAGGT AAAAGCAGCT AATAATCGAA TTAATGAATC	3720
	ATTAAGGTTA GTTAATCAAT TAAGCAATGC ATTAAAGAAT GGTAGTTCAG GAACTGCTGA	3780
	AGCTACTAAA TTAGTAGATC AACTTTCAAA ACTAGATTCA TCATTATCAT CATTTAGAGA	3840
50	TTATGTTAAA AAAGATCTTA ACAGCTCTTT AGTATCAATA TCACAACGTA TTATGGATGA	3900
	ATTGAACAAA GGGCAAAC TGTTAGTCT AAATTAAATA CAATTGATCA	3960

55

	AACAGTATTA CCAAGTATTG AACACAATA CATTAGTGCT GTTAAAAATG CTCAAGCAAA	4080
	CTTCTCGAAA GTGAAAAGTG ATGTAGCTAA AGCTGCTAAC TTTGTGCGCA ATGACTTACC	4140
5	ACAGTTAGAA CAGCGATTAA CTAATGCGAC AGCAAGTGTG AATAAAAATT TACCAACGTT	4200
	ATTAAATGGT TATGATCAAG CGGTAGGATT ACTAAATAAA AATCAGCCAC AAGCGAAAAA	4260
10	GGCTTTATCA GATTTAGCTG ATTTTCTCA AAATAAATTG CCTGATGTTG AAAAAGATTT	4320
	GAAAAAGCG AATAAAATTT TCAAGAAATT AGACAAAGAT GATGCAGTCG ACAAATTAAT	4380
	CGACACACTT AAGAATGATT TGAAAAAGCA AGCGGGTATT ATTGCAAATC CTATTAATAA	4440
15	GAAGACTGTT GATGTTTTCC CAGTTAAGGA TTATGGTTCA GGTATGACAC CATTCTATAC	4500
	TGCACTGTCA GTATGGGTAG GTGCACTCTT GATGGTAAGT TTATTAACGG TTGATAATAA	4560
	ACATAAGAGT CTAGAGTCAG TCTTAACGAC AAGACAAGTG TTCTTAGGTA AGGCAGGATT	4620
20	CTTTATAATG CTTGGTATGT TGCAAGCACT CATTGTATCG GTTGGAGATT TGTTAATCCT	4680
	AAAAGCAGGA GTTGAGTCAC CTGTATTATT TGTACTTATA ACGATTTTCT GTTCGATTAT	4740
	TTTCAACTCA ATCGTATATA CGTGCATATC ATTACTTGGT AACCAGGTA AAGCCATTGC	4800
25	AATCGTATTG CTTGTATTAC AAATTGCAGG TGGTGGGGGA ACATTCCCAA TTCAAACCTAC	4860
	GCCACAATTT TTCCAAAACA TTTCGCCATA CTTACCATTT ACGTATGCAA TTGATTCATT	4920
30	ACGTGAAACA GTAGGCGGTA TTGTTCCGGA AATCCTAATT ACAAATTAAT TTATATTAAC	4980
	GTTATTTGGT ATAGGATTCT TCGTTGTAGG TTTAATTTTA AAACCTGTAA CAGATCCATT	5040
	GATGAAGCGC GTATCTGAAA AAGTTGACCA AAGTAACGTT ACAGAATAAA AATTAAATCC	5100
35	ACACATTAGG GTTATAGCTC CTTAATGTGT GGATTTTAT GTTTTATAGAC AGAAGAGATA	5160
	GTAATTTCTG TCTTTTATGG GACGGTTGTT ATCATTGCTA TTATCCAGGA TGACTTACTA	5220
	TAGGACTAAT ATTACCGACA AAGTGAATAT CCTCGTCTTC CGTAGTTAAA ATAAAGCTAG	5280
40	AACCTTTTTG GATGTCATAG TGCTTATCGT TTAAGTTTAA AGTACCAGTA CCATCGATAA	5340
	TTGTAATAA GCAATAAGCA TGTGGTTTAT TGAATTTTAA ATCTCCATGA ATATCCCATT	5400
45	TATATACTGC AAAATATTGA TTATCTACAA ATTGAGTTAC AGTGTGTGTG TCGATGTGAG	5460
	TTGTTATAGG AGTAGTATTT GGTTTCATGAT TGCCTAATTC AATCACATCT TTAAGTTGCT	5520
	CTAAGTGCAA ATCAGCAAT TGACCATTTT GATCTCGTCT ATCATAGTCA TAAATACGGT	5580
50	ATGTCGTATC GGAGGATTGT TGTGTCTCTA AAATTAAAAT ACCCGAACCA ATGGCATGGA	5640
	CAGTGCCAGC AGGAACATAA TAAAAGTCAC CGGGCTTAAC AGGTATACGT TTGAAAAGAC	5700
	TGTCAAATTC ATGATTATCA ATCATGTCTA TTAACGTCTG TTTATTATGT GCATGTACGC	5760
55		

	GTTCCGCCTTC GTGTTTTAAA GCGTAGTCAT CATCTGGGTG AACTTGAACA GATAATTTAT	5880
	CATTGGCATC TAATACTTTA GTTAGCAGAG GGAAACTATC TCGTGAATCA TTATCGAATA	5940
5	ATTCACGATG TTGTGACCAA AGTTGATCTA GGGTCATATC CTTGTATGGA CCATTGATAA	6000
	TTGTATTAGG ACCATTTGGA TGTGCAGAAA TTGCCCAGCA TTCACCAGTT GTTTCATTAG	6060
	GGATATCATA GTTAAATGCT TTTAATGCAT GACCGCCCCA AATTCTGTCT TTAAAAACGG	6120
10	GTTGTAAAAA TAATGCCATA GTTAAAACTC CTCTATATTT TCATTAATAA GTTATAAATT	6180
	TCTGTAGTAC TGTTTGCAAT AATTAGTGAT TGGCGTGTCT CATCATTCAT TAACGCTTTA	6240
	GATAAGCGCT GAAGTATTTT TAAATGTGTA TCCTGACTGT TGTTTGGTAC GGCAATTAAG	6300
15	AATATCAATT GAGGTAGACT ACCATCTAGA CTGTCCCATT TAACACCATG ATTATTTTTC	6360
	ATAACAGCTA CAATCGGTTG TTTTACAACA TCAGACTTTG CATGTGGAAT GGCCACGTTC	6420
20	ATGCCAATAG CTGTCGTAGm tCcATTTCAC GTTCTAGTAT TGCATTTTTT AAATGCGATG	6480
	TGTGCTCTAC ATAACGGCAA ATTTTAAGTT TATGAATCAA CATATCAATT GCTTCGTTTC	6540
	GAGACATGTC GTGATCAGTA ATTATCATAG TTTGTTGATC AAAAACATGA GAAGGTTTAT	6600
25	TGAGATGTGA ATGTTTCGCG GTGTTATCTA CATTGTCAAC CTCTGTATCA TGTTGTGTAA	6660
	TATCTGTATC ATGAAGTTGC GTGTGTTGCG CTGGTGCATC TACTGCTATA ACTGGTGTAT	6720
	TGCGTTTTAA TAATAGTACA GTAGTCATTG TGACAAGACT ACCTACTATC ACTGCAAAGA	6780
30	TAAACCATAA TACATGATCA ATACCACCTA ATACAGCCAC GATTGGACCT CCATGTGCGA	6840
	CTCTATCGCC GACACCACCA ATGGCTGCAA TGA CTGATGC AATCATTGCA CCAATGATGT	6900
35	TTGCAGGTAT AATGCGCAAT GGATCTTGGG CTGCGAAAGG AATAGCACCT TCAGTAATAC	6960
	CAAATAGTCC CATAGTGAAG GAAGCCTTAC CCATTTCTCT TTCGGAATGA TTGAATTTAT	7020
	ACTTTTGAAC AAACGTTGCT AAACCTAAAC CGATTGGTGG TGTACATACA GCAACTGCGA	7080
40	CCATACCCAT AACGGCGTAA TTACCTTCAG CAATAAGTGC TGAGCCAAAT AAAAATGCTA	7140
	CCTTGTTTAC TGGACCGCCC ATATCGAAGG CAATCATCGC ACCTATAATC ATCGCAAGTA	7200
	TAATAATATT AGCACCTTGC ATACTTTTTA ACCAGGTTGT TAATGCCTCA AAAATATTAG	7260
45	AAATTGGTGC ACCGATTAAA AATATAAATA TCAATCCTAC AACGACCGAT GAAATAATGG	7320
	GAATAATAAT GATAGGCATA ATTGGTGCCA TTGCTTTTGG AACTTTAATA TCTTTAATCC	7380
	ACTTTGCGAT ATAACCTGCT AAGAAACCAG CAACAATACC ACCTAAAAAT CCTGCGCCTG	7440
50	CATCACTGCC ATAAAACTA CCGTCAGCAG CGATAGCGCC GCCAATCATA CCAGGAACAA	7500
	GACCGGGcTT GTCAGCGATA CTAACAGCGA TATATCCAGC TAGTATTGGA ACCATAAATT	7560
55		

	ATCCTTTTGA	TGTCGTTtCA	CCGCCTAGAG	TCAGCGCGAT	GGCGATAAGG	AGTCCACCAA	7680
	CTACGATAAA	AGGAACCATA	AACGATACAC	CGTTCATTAA	ATGTTGATAC	ACCATTTGAA	7740
5	TACCATTTTT	AGACTTACCG	CGATCTTTCG	AATGATAATT	TGTTTCAGAT	TGATAAATAG	7800
	GCGCATCTTG	ATTAATGATA	CGTTGAATTA	GACCTCTCGG	ATTATGAATC	CCTTCGCGAA	7860
	CATTTTCATT	AATCAACCGT	TTACCAACAA	ATCGGGACAG	ATCAACTTGT	TTATCAGCTG	7920
10	CAATTATGAC	ACCGTCAGCT	TCTTCGATGT	CTTGCGTAGT	TAAAACATTT	TCAGCACCAA	7980
	CACCGCCCTG	TGTCTCTACT	TTAATATCCA	CACCCATTTT	TTTTGCTACC	TGCTCAAGCT	8040
15	TTTCTTGAGC	CATATATGTA	TGTGCAATGC	CATTGGGCA	TGAGGTAATA	GCTACAATTT	8100
	TCATAAAATC	ATCTCCTTTT	CTATATTGTA	AGCGTATTCT	CGATACTAAA	AAAAAGAATA	8160
	ATTACCGTTA	CTAGTGGCAA	TTATTCTTGT	AAGTATTCAA	ATAACTGTTG	CTTTAAACTA	8220
20	TGATCATCTA	AACTACATAA	ATGGTTCACT	GAATCATCAT	CCAAGTTAGC	AATTAATTGC	8280
	ATCATTGTGT	TTGTAAAAGC	TTTGTCTTTA	TGCGAAATCG	CTAAGAAAAA	GACAAGTTTG	8340
	ACATCGTGTT	GTCGCCAAGG	AAAAACATCT	TTTGTGCGAA	AAATAAGCAC	ATGTGATTGT	8400
25	AAAACTTTTT	CAGGATCTCC	ATGAGGAATC	GCCATAAAAT	TACCTATGTA	TGTAGAAGAT	8460
	GATTTCTCAC	GCTCTAAAGC	TGATTCGATA	TATCCTTCTA	CAATCGCATG	ATGTGCTTGT	8520
	AATATTTTTT	GAGCTTCTTC	AAAAATTTGC	ACAGTATGCC	GTGATTTTTG	TTCAGTATTT	8580
30	ACGACAAGGA	AATTGACAGT	GTCCATATGA	TGATGTGCTT	GAACCGGATT	TTGCTTTTGC	8640
	TTCACAACGT	GTCTGATTTT	GTGACGATCA	TCTTCAGAAA	ATAATGGTGC	AACCTTGATA	8700
35	GTCGTCAGGT	GCTTAGGAAG	TATGTTTAGC	GTTTGTTTAG	GAATATCATG	GGTCGTTATT	8760
	AATAAATCTA	CATTGTCAAA	GTGATAGTGT	GTTATATTTT	CTAGTTTAAT	CGTATTTATC	8820
	ACTGāCAACT	CTTCGGATAA	GTTATTTATT	TTAGTTTCTA	AAAAATTCTA	CACACCTAGA	8880
40	CCATAATAAC	AAGCAATGAC	TACATTTAAT	TGTGTTTTGG	TACGACGCTC	GATGGCAGCT	8940
	TGAAAATGAA	TTGTAAAAA	TGCAATTTCA	TCTTCGCTCA	TCTCTATATC	AGTATCAATT	9000
	GCTAATTTAT	CAATCGCTTC	AAAAAGTGTG	TTAAACACAA	AGGGATAGAG	TTTTTTAATC	9060
45	TCTATAACTA	AAGGATTGTT	TAAATAAATG	TTTTGAGTGA	TACGTAAATA	TGCTTTACTA	9120
	AAATGATTAT	ATAAATTTTG	TTGTAAAATC	GAATCTTCAT	TGAAAGGTAC	ATGAATACGT	9180
	TGCTGCATCA	ATTCGATTAA	GCGATCAATA	TAACTTTGTA	TAAATATACG	TTCTATGCCA	9240
50	ATATCGAGTT	TATTAAAATG	ATAAGCAATA	AAGAATGAAA	ACATATTGAT	TACTTTTTTCG	9300
	TTCAAGTCAT	AACCTAATCT	TTCGTTGATT	TGCTTAATGC	AAGATTGAGA	TATCAATTTT	9360
55							



AGATGAATTA AAAGCTGTTG TATTTGAATA TCAGTTGTTT CAATACTATG TTGTTGAAGT 9480  
 GTCTCTTGTA TAATATGCGA AATCATCCTT TGGTGTGAAT CAGGTAATTC aTTTAAAATT 9540  
 5 AGGTCTTCAA CATGTACATG CCCTGATGAT AATTGATTTA AATGGATGAT GGCATTAGTG 9500  
 ATATCATTAT CTGTTCCATC GAC 9523

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 167:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1021 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 167:

20 ACCGTGGAAA CACGTCTAGT CAATCAGAAA GCGATAAAAA TGTGACTAAA TCATCTCAAG 60  
 AGGAAAATCA AGCAAAAGAA GAATTACAAA GCGTTTTTAAA CAAAATTAAC AAACAATCAA 120  
 GTAAGAATAA TTAAAAAATT TTGATATTGT CTATGTTTAT AGTTCACAAG CCATTCAACG 180  
 25 TATTGTAAAC TAAGGATAGT GTATTTTTTT AATAGTAATT TGTCAGGAGG TGCCTATCTA 240  
 TGGAAGAACA TTACTACGTA AGTATTGATA TTGGATCATC AAGCGTAAAA ACAATAGTAG 300  
 GCGAGAAATT TCACAATGGT ATAAATGTGA TAGGTACAGG ACAAACCTAC ACGAGCGGTA 360  
 30 TAAAAAATGG TTTAATTGAT GATTTTGATA TTGCGCGACA AGCAATCAAA GACACAATTA 420  
 AAAAGGCATC AATCGCTTCG GGTGTTGATA TTAAAGAAGT TTTCTGAAA TTACCTATCA 480  
 TTGGAACGGA AGTTTATGAT GAATCAAATG AAATCGACTT TTATGAGGAT ACAGAAATCA 540  
 35 ACGGTTTACA TATCGAAAAA GTATTAGAAG GTATTAGAGA AAAAAATGAT GTGCAAGAAA 600  
 CAGAAGTAAT TAATGTGTTT CCGATTCGTT TTATAGTCGA TAAAGAAAAT GAGGTTTCAG 660  
 40 ACCCTAAAGA ATTAATTGCC AGACATTCAT TAAAGGTTGA AGCAGGCGTA ATTGCTATTC 720  
 AAAAATCGAT TTTAATTAAT ATGATTAAAT GCGTAGAAGC ATGTGGTGTT GATGTATTAG 780  
 ATGTTTACTC TGATGCATAT AACTATGGTT CAATCCTAAC AGCTACTGAA AAAGAGTTAG 840  
 45 GTGCATGTGT CATTGATATT GGTGAAGACC TTACGCAAGT TGCTTTTTTAT GAACGCGGTG 900  
 AATTAGTAGA TGCTGATTCT ATCGAAATGG CAGGGCGTGA TATTACaGAC GATaTTGCAC 960  
 aAGGrTTaAA CACTTCTnAT GAAACTGCTG nAAAAAGTTA AACACCAATn TGGTCATGCA 1020  
 50 T 1021

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 168:



(A) LENGTH: 7963 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 168:

10	TAATCTATTA TAAAACTGT CCATACCCTT TGATTACCTT CTCTTCAGGT ACAGGCCACA	60
	CTTGAGGCCA TAAGCCATAT GCTTGCTGTG AATAAAATTG TGCCATTTGT AACAAATATAA	120
	TATATACAAA TAAACACCCA ATAATTGCTG TCACTAATGG ATATGATAAC CAAACCATTA	180
15	ATAAACTGC AATAATTACT AACCTAAAGA TAATATTAAA TGCGTCTCTC CCTCTTATAA	240
	AGCTTCTAAT AAATAAGAAT AAATACATCG CATTAGAGTT AAATTTACTA CCCTTTGGAA	300
	CTGGTAAAAG TATATCTAGA TAACTTCTTC TGACTGCAGA TTCTTTCAAA TGTTTTACAT	360
20	CGGTGAACAT ATTAACAAAT TTATAATAAT TCATATGATG TCGATGTTCTG ATTGCAATCA	420
	TTTTCTCCCA AGGATACAAA AAGCCTGGTT TATATTTTTT AACTAAAAAT TCTATTAACA	480
	CAGGCAAAGC AACCATCACA AATGCGATGT ACCATTTTGG AGCTAATAGT AAGTAATATG	540
25	TTAGAGCAAA GGTGATGAAT GATATTAAAT TAACTTGCCA TGTTTTAAGT CCCGATTGAT	600
	ACCATTGCCA TCTTAAGCGT AAACCAACAT ATGGAAAAAT TAATGCACTG ACTCCAAAAC	660
	AAATATAAAA TGCCACATTA TGTGATTAA TATTGTAAA CAACGGGAAC ATTACAATAA	720
30	CAATAATGAG TTGGATTAAAT ATGCGCGCAA AGTAACTATA TAAATCGCA TGACGCATAA	780
	ATTGAGACAT GTGTTTTTCA AATGGTAATA AAAAGATTTT ATCCgCTTCT TTTAACAGTG	840
35	GTCsCmTTGG AAAAATAGrT GTCAACGCAA CAATCACTGC TGCTATTaAT GAAAAATTGa	900
	TATTCGTTGG AATATGTTTT AACCATTcAC CATATCCArA AATAAATGCA CCCAGCAAAA	960
	TAAGTAAAAA GACCATGAAA TGACCATTAA ATATAAACTT ATTATAATAA TTTTtCTCTT	1020
40	TACGAAGGGC ATGTAATCTT TTATTAAATA ATGTGGTgC TTGGTTACGC ATGTACATCT	1080
	CCACCTTGCG TCACATGAAT ATATATATCG TCTAATGTTT GATTATGTAA GCCAGTTTGT	1140
	TGTCTCAATG CTTCTAAATC TCCAAATGCA ACGACTTCAC CTTCGTCTAG TATGaTAAAA	1200
45	CGATCACAGT AACGTTcAGC TGTGCTAAA ATATGTGTAC TCATTAGAAC GGTtCTACCT	1260
	TCGTTTTTCT TTTCAACCAT TAAATCTAAC ATGGATTGAA TTCCTAATGG ATCTAGGCCA	1320
	AGGAATGGTT CGTCTATAAT ATACAATTCG GGATTAAcGA TAAACGCACA AATAATCATG	1380
50	ACTTTTTGTT TCATCCCCTT AGAAAAATGA CTCGGAAAAA CTTTCAACTC ATTTTCTAAA	1440
	CGGAATGTCT TTAATAATGG CATTGCTCGA TTCATCGTTT CATCACGATC AATATCATAT	1500

55

	TCCGGAATAT AAGATAACTT TCTTCTATAA GCCTCTATGT CATCATTAAT GTTGATATCT	1620
	GAAATTGATA GAGATCCTTC CATAGGTGTA AGCAATCCTA GCATATGTTT AATCGTTGTA	1680
5	CTCTTACCAG CGCCATTAAG GCCAATAAGT CCAACAATTT CGCCTTTGTT TAATTCAAAA	1740
	TTTATATCTT TAATTACAGG GCGTTTTCCA TATCCACCTG TAAGCTGTTC TACTTTAACT	1800
	GTCATAAGGC ACCTCCATGA CTTATATTGT ACCAAAAATT ATAAAATGCT CATATTAAAT	1860
10	ACACATGTCC TAATATCGAA TTTTTCGCGA CAATGTTATA ATGAATGGTA ATACTAGTTG	1920
	AAAAGGAGTG TAGTCATCAT GTCAGAAACA ATTTTCGGCA AAATTTTAAC TGGAGAAATT	1980
	CCTAGCTTTA AAGTATATGA AGACGATTAT GTCTATGCCT TTTTAGATAT ATCACAAGTT	2040
15	ACTAAAGGAC ATACGTTATT AATTCCTAAA AAAGCTTCTG CTAATATCTT TGAAACTGAT	2100
	GAAGAAACAA TGAAACATAT CGGTGCAGCA TTACCTAAAG TAGCAAATGC TATTAAGCGT	2160
	GCATTTAATC CTGATGGTTT AAACATTATT CAAAATAATG GTGAGTTTGC AGATCAATCT	2220
20	GTATTTTCATA TTCATTTCCA CTTAATTCCT CGATACGAAA ATGATATTGA TGGATTTGGT	2280
	TATAAGTGGG AAACACATGA AGACATTTTA GATAACGATG CAAAACAACA AATTGCTGAA	2340
25	CAAATTCAAG CACAATTTTA AATGTATGCT TAATCTAAGC TCGAACGGGT ATAATATGAT	2400
	TAATATTATA ACAATTGCGT TTGAAGTGAT AACATCAAGG TTAGCAATTT TAAACAAAAT	2460
	GAGTTATCAA GATAACAGAT GTTAAAAGTG AGGAGAATAT AAATGAAAGC ATCACGCATT	2520
30	CTATTCGGTA TCGGTGTTGG CGTAGCAGCT GGTTTTGTAG TTGCACTTCA AGGACGTGAC	2580
	GACAAAAGTG TCAAGAACAA CACGATCGAT CGTACTGCCC CTACTGGTTC AAAATCAGAA	2640
	CTACAACGTG AATTTGAAAC GATTAAACAA AGTTTTAATG ACATTTTAAA CTATGGTGTT	2700
35	CAAATTAAAA ACGAAAGTGC GGAATTTGGT AGTTCAATTG GTGGTGAAAT TAAGTCATTA	2760
	CTTGGAACCT TCAAATCTGA CATTAACTCT AATATTGAAC GTTTACAGTC ACACATCGAA	2820
	AATTTACAAA ATCGTGGCGA GGATATTGGA AACGAAATTT CTAAGTAGCA GGTTACGTTC	2880
40	TCGATCACAA CTATTTTAT TAGTAACAGC ATATTTATTT TTTAAAATTA AATGCCAAAT	2940
	AAACGAGATG ACATTAGAAA TTAGATATTT CTTGTCATCT CTTTTTTAAA ACTCAAATGA	3000
45	ACTTATGTTT ACAAATTATA GGAAGACATT GTTTGTAGTG ATTTTCGCTT AAATCATATT	3060
	TATGAATTGA TTGAAAACAT TGCTTAGGAT TCATGTGTGTT ATCCTTGCAC TTTGATTACG	3120
	CTTTACTTAA ATCATTATCG ACAAACAACA TACTTATATT TTCATTGAGC CGAACCTTAT	3180
50	ATACACATTA CATATACCTT ACTTGCACAA ATTATTAATC TGGTGTTTAT TATAATTACA	3240
	TATCACTATA TTTTTCAGCAT TTGTATAACT TAGTTGGTCA AAAGATGCTT TTGCATATGC	3300

55

	TTTCATAAGT GATGCTTTAT TAGCAAGAAT ATGTGTTTCGC AGAAATTTGT TCTGCATTCT	3420
	ACTTCTACGC TAGTCAATCA GACAATTTTA CCAATCCCCA CTTTCGCGTT TCAAATCAAA	3480
5	CAATACGTCG CTCCTTTCTT CTTATATAAC AATTCTTCTA ACATGATATG TTACTATTGA	3540
	ATTACTGAAC CTGAGTTAGT TATAATCTAA CTTATATTGA AAAGAGATGA GGC GTAAGAT	3600
	ATGTTTTTAT GTAAAAGACA AATTGATATC AATGCACGAT TTGGTTTGCC TAGAATTGCA	3660
10	TTTATGAGTG CAGTTGCAAC CATCATTATG TTTT TAGTTA GTTATGAAGT AATGTATTTT	3720
	TTATCTAATA CGCCATTATC AGATAGACAT TTTCTCATCT TTTTATTACT TGTATTTATG	3780
	ACGTATCCAT TACATAAAAG TATACATTTA TTATTTTTCT TACCATATAG AAAATCGTTT	3840
15	AAAGTTCATA AGTTAACTAA AAGAAAATGG CTTATATTCT ATAATACCTA CGTCAATCAA	3900
	CCTGTACACA AATTTTATTT TTGCATTAAC TTAATATTGC CGTTAATTAT CTTATCTGCA	3960
	ATGTTTCGTTT ATCTAACAAT TTCATTCCCG CAATATGGAC ATTATTTTAT GTTCTTATTG	4020
20	GCATTGAATT TCGGTATTTT CATTACAGAT TTATTATATT TAAAAATAAT TATATTTTCT	4080
	AATTATGGAC AATATATAGA AGAACATAGT ACAGGTATTA ATATTTTGAA AAAAATTAAA	4140
	AATCCATATC ATTTATAACA AAATAATTAT AGCAAGGTGT TATTATTTGT TTTTAGGCTA	4200
25	TGTAATAgcT tACAATCAAA TGTATATAGA CCTTGTTTTT TTATTTTCAT CAATTTCTAC	4260
	CCCTAAACCT AATGCTCTAG TCTGATGTCA TGGGTATTG ATTGGTGATA ATATAAAACT	4320
30	ATGTTATATT CACGATGATT AACTTACAAA GGAGTTTCAA CTATGAAGAT GATAAACAAA	4380
	TTAATCGTTC CGGTAACAGC TAGTGCTTTA TTATTAGGCG CTTGTGGCgC TAGTGCCACA	4440
	GACTCTAAAG AAAATACATT AATTTCTTCT AAAGCTGGAG ACGTAACAGT TGCAGATACA	4500
35	ATGAAAAAAA TCGGTAAAGA TCAAATTGCA AATGCATCAT TTACTGAAAT GTTAAATAAA	4560
	ATTTTAGCTG ATAAATATAA AAATAAAGTT AATGATAAGA AGATTGACGA ACAAATTGAA	4620
	AAAATGCAAA AGCAATACGG CGGTAAAGAT AAATTTGAAA AGGCCCTTCA ACAGCAAGGT	4680
40	TTAACAGCCG ATAAATATAA AGAAAATTTA CGTACTGCTG CTTATCATAA AGAATTACTA	4740
	TCAGATAAAA TTAAAATCTC TGATTCTGAA ATTAAAGAAG ACAGCArGAA AGCTTCACAC	4800
	ATTTTAATTA AAGTTAAATC TAAGAAAAGC GACmAAGAAG GCTTAGATGA TAAAGAAGCG	4860
45	AAACAAAAAG CTGAAGAAAT TCAAAAAGAA GTTTCAAAAG ATCCAAGTAA ATTTGGTGAA	4920
	ATCGCTAAAA AAGAATCAAT GGATACTGGT TCAGCTAAAA AAGATGGCGA ATTAGGTTAT	4980
50	GTTCTTAAAG GACAAACTGA TAAAGATTTT GAAAAAGCAC TATTTAAGCT TAAAGATGGT	5040
	GAAGTATCAG AGGTTGTTAA ATCAAGCTTT GGATATCATA TTATTAAAGC TGATAAACCA	5100

55

	AAAAATCCAA AATTATTGAC TGATGCATAC AAAGATCTAT TAAAAGAATA CGATGTTGAC	5220
	TTTAAAGATC GTGATATTAA ATCAGTTGTC GAAGATAAAA TCTTAAACCC TGAAAAACTT	5280
5	AAACAAGGTG GCGCACAAGG CGGACAATCC GGCATGAGCC AATAACACAA AACCGAGCGA	5340
	CCGTGGTTCA AAAATCATAC CACGGCCGCT CGGTTTTTTC GCATTAAAAA TCGGACAGAT	5400
	GAGCTCATGT TTCAGTATAC TCATCTGTCC GATATCTTTT AATTCTTAAT CGAGTGATTC	5460
10	AGGATTGTAG AATCTACGAT TTTCAAGACC AAATATTTTA TCTGTAAACT GACCCTTGTC	5520
	AGTTTTTTTA TATGCCTTTT CAAACATATT CATTCTAGCA TCGATATTAT CGATATAGCA	5580
	TAAAATTTCT GCTTCTTTTA AGTATGGCAG TTTTGGAGAA CCATACTCTA ACTTACCATG	5640
15	ATGAGATAAA ATCATATGTC TTAACAACAT GATTTCTTCT CCTTCAATGT TCAATTCACG	5700
	AGCTGCTTCA ACTACTTCAT CACTCGCAAT CGAGATGTGT CCTAATAAGT TACCTTCGAC	5760
20	TGTATACGAC GTCGCAACAG GACCACTCAA TTCTCTAACT TTACCAATAT CATGCAAAAT	5820
	AATACCACTA TATAACAAAC TTTTGTTTAA CAATGGATAA ATGTCaCAA TTGATTTTGC	5880
	AATACGTAAC ATCGTTAATA CATGATAGCT TAAGCCACTC GCAAAGTTAT GaTGATGAGA	5940
25	ACTAGCAGCT GGATATGTGT AAAATCGTTC TTGATATTTT TTCAATAAAT GACGTGTGAT	6000
	ACGTTGTAAA TTAGCATTTT CAATATCTAG CAAATAATGA GAAATCTCTT CTTGTATTTT	6060
	TGCCGGTGAT AAAGGTGCAC CATCTACAAA TTGTTCTGTT TTTAATTGAT CTTCAGTTGT	6120
30	CGCTAGTCTA ATTTGGTTGA CTTTCATCTG TTTATTTCCG CGATAGTTTA TGATGTCACC	6180
	TTTAACATGT ACAATTTCTT CAGGCTTGAT TGTTGCCATA TCATTTTTTG TAGCCGTCCA	6240
	AAATTTGCT TCAATTTTAC CACTTTTATC TTGCAAATGT AATGTCATAT AATCTTTACC	6300
35	TTGTGCTGTT ACACCCTGTG TAGCTTTATG CACTAAGAAA AAGTGATCAA CTGAATCTCC	6360
	GGGA <sup>-</sup> TTTAGA TTCTCTATAT TTCTCATCGT TTCCCGCCTT CCTCTATTTT GTTTAATGTA	6420
40	ATCACTTCTT TTGATGGAAC AATATTATCT TTTACACATG TAAAGTATAG TACTTGATAG	6480
	TGTTCTGATA ATGATCGTAA ATAATTCAAC ATTTTTTCAG TACGTTTTTT ATCAAAATGA	6540
	ACAAATGCAT CATCAACAAT TAATGGGAAC GGATAATATG GTCTTAGTAC CTTAATTAAA	6600
45	CTGATACGTA AAGCTACATA AAGTAATTCT TTTGTAGATT GACTTAGTTC AACAGGATCA	6660
	TATAATTGAC CATTAACATG TTTAACCGTA ATTGAATCTT CATTATAGTT AATCATCGTA	6720
	TATCTGCCAT CTGTTAAATG CTTCAATATT TCTACCGCTT CATTAAATAAC TTGAGGCAAA	6780
50	CGTTTATCTT TAATTGTTT AATGTGTTCA TCAACTAAAC TTTGTAAATA ACTTAAACTT	6840
	GCCCAATCTT TTGCGATATC ATTAAGTTGA TTTTAAAGAC TGTGATATTC ATGTCTTAAA	6900

55

GCTTGCATTT CAAGATATTG CTCATTATAT TCGTCAACTT GAGTAGCCAA TAAATGATCT 7020  
 TCTTCTTCAA GTTGTGCAGT TGTTTTTTCA CTTAAACTAG AACTTAATTC ATAAGAATAG 7080  
 5 TTTTGGTTCT CAAGATATTT AGTTAAATCA TTAAAACGAC TCAAATTACT AGTATAAGTT 7140  
 TGGTAATCTT CATGATGTTG GTAAAAATCT TCTTCAGTAC CAACATTGAT AAAATCGAAT 7200  
 AGTGCTGTAA TTTCTTTATT ATTTTCTTCT AATTGAGCAT TTAAATGATT TAATTCATTT 7260  
 10 GTAACAAGTT TGGTATTTTC AGCATTAAATA CGCCATTTT CATTCGTGTC TTCAGCTGAT 7320  
 TTCAACCATT GTtGCACATC GTGGAATAAA GATAATTTGT TGAAATAAAC AAATTGTGAT 7380  
 TTTGTAACAG CTTCAGCATG ATTGTAGAAT GSTATCTAATT CTTGAACCAA TTGCTGGCGT 7440  
 15 TGTTGATTTA AATCACTGAT ATGTTGATCT AATGCTTTAA TATTCGCCAT TGTAGAAATA 7500  
 CTATCAACAA TTAAATCATT TGAAATTTTA GATGATAAGT ATAATTCATC CTTAACGTTC 7560  
 TCAACTGTCTG ATTGTAATTC ATCATGACGC CCTTTCGCAT CATTTAAACG ACCTTCAATA 7620  
 20 TACTGACGTT TCTCTTCTAA AATATCTTTA TTTTTCAAAG CTTGTTGCCA GTGATCACGA 7680  
 ATGCGATATT GCTCATCAAG ATCAAAATCT AAGTCATAAT TTTCATCTAA AATGGCTAGT 7740  
 25 TGTGCTTTAA TTTCTTCGAT TTCATCTGTG ATGGCCTCGC TATAATCTAC TTCTTTTGAT 7800  
 TTAGACATGA TGATACCGAT AACAAATACT AAAGTTAATA CTGCGAAAAT AATACCAAAC 7860  
 AACATGTTGT TTGAAATAAA TGAGAAGGCA GTTAAACCAA TACCTACTAA TGTTAAAAGr 7920  
 30 ATAAACGTTG TTCGkaACAA TTTTGTGACGT TTTTGtTTT CTT 7963

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 169:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 35 (A) LENGTH: 3958 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 169:

40 ATATTGTCTT TACAATAGTT TGCTATGGAG GTAATTAACC AATAGGAGGA ATTTATAATG 60  
 45 GCAGTAATTT CAATGAAACA ATTACTAGAA GCGGGTGTTT mCtTCGGTCA CCAAACACGT 120  
 CGTTGGAACC CAAAAATGAA AAAATATATC TTTACTGAGA GAAATGGTAT TTATATCATC 180  
 GACTTACAAA AAACAGTGAA AAAAGTAGAC GAGGCATACA ACTTCTTGAA ACAAGTTTCA 240  
 50 GAAGaTGGTG GACAAGTCTT ATTCGTAGGA nCTAAAAAAC AAGCACAAGA ATCAGTTAAA 300  
 TCTGAAGCAG AACGTGCTGG TCAATTCTAC ATTAACCAAA GATGGTTAGG TGGATTATTA 360

55



	GAAGATGGTT TATTCGAAGT ATTACCTAAA AAAGAAGTAG TAGAACTTAA AAAAGAATAC	480
	GACCGTTTAA TCAAATTCTT AGGCGGAATT CGTGATATGA AATCAATGCC TCAAGCATT	540
5	TTCGTAGTTG ACCCACGTAA AGAGCGTAAT GCAATTGCTG AAGCTCGTAA ATTAAATATT	600
	CCTATCGTAG GTATCGTTGA CACTAACTGT GATCCTGACG AAATTGACTA CGTTATCCCA	660
	GCAAACGACG ATGCTATCCG TCGGGTTAAA TTATTAAGTG CTAAAATGGC AGATGCAATC	720
10	TTAGAAGGTC AACAAGGCGT TTCTAATGAA GAAGTAGCTG CAGAACAAAA CATCGATTTA	780
	GATGAAAAAG AAAAATCAGA AGAAACAGAA GCAACTGAAG AATAATCAAC TGTGTAATCT	840
	GACTTAGATA TAGTTTAAAT GGGTGATAAG ATATTAATGC TTATCACCTT TTTTAAAAAG	900
15	AAAATCGAGG CAAATTACAA ATATTCAATT AGAGTATTGG CAATCTTGCC TATAATAATG	960
	CTAAAATCAT AATATATAAA ATGATAACTT ATTGGAGGAA TAATGAATGG CAACTATTTT	1020
20	AGCAAAACTT GTTAAAGAAT TACGTGAAAA AACTGGCGCG GGTATGATGG ATTGTAAAAA	1080
	AGCGCTAACT GAAACTGATG GTGACATCGA TAAAGCGATT GACTACCTAC GTGAAAAAGG	1140
	TATTGCTAAA GCAGCTAAAA AAGCAGACCG TATTGCGGCT GAAGGTTTAG TACATGTAGA	1200
25	AACTAAAGGT AACGACGCA TATCGTTGAA ATCAACTCTG AAACAGACTT TGTGCTCGT	1260
	AACGAAGGTT TCCAAGAGTT AGTTAAAGAA ATCGCTAATC AAGTATTAGA TACAAAAGCT	1320
	GAAACTGTTG AAGCTTTAAT GGAAACAACT TTACCAAATG GTAAATCAGT TGATGAAAGA	1380
30	ATTAAAGAAG CAATTTCAAC AATCGGTGAA AAATTAAGTG TTCGTCGTTT TGCTATCAGA	1440
	ACTAAAAGTG ATAACGATGC TTTCCGCGCT TACTTACACA TGGGTGGACG CATTGGTGTA	1500
	TTAACAGTTG TTGAAGGTTT AACTGACGAA GAAGCAGCAA GAGACGTTGC TATGCATATC	1560
35	GCTGCAATCA ACCCTAAATA TGTTTCTTCT GAACAAGTTA GCGAAGAAGA AATCAACCAC	1620
	GAAAGAGAAG TTTTAAACAA ACAAGCATT	1680
	AAAATGGTGG AAGGACGTTT ACGTAAATAC TTACAAGAAA TTTGTGCTGT AGATCAAGmT	1740
40	TCGTTAAAAA CCCTGATGTA ACAGTTGAAG CTTTCTTAAA AACAAAAGGT GGAAAACTTG	1800
	TTGACTTCGT ACGCTATGAA GTAGGCGAAG GTATGGAAAA ACGCGAAGAA AACTTTGCGG	1860
45	ATGAAGTTAA AGGACAAATG AAATAATCTG TCATAAAGTA AAACAAGGAA GAAGACACCT	1920
	TTAATGTTGC TTTATTAAAA TGTAATCAT TCTAATAAAA CGACAAGTGT GTCTTCTTTA	1980
	CTTGTATATG TTACATATAT TCACGATAGA GAGGATAAGA AAATGGCTCA AATTTCTAAA	2040
50	TATAAACGTG TAGTTTTGAA ACTAAGTGGT GAAGCGTTAG CTGGAGAAAA AGGATTGCG	2100
	ATAAATCCAG TAATTATTAA AAGTGTGCT GAGCAAGTGG CTGAAGTTGC TAAATGGAC	2160

55

	TTAGGTATGG	ACCGTGGAAC	TGCTGATTAC	ATGGGTATGC	TTGCAACTGT	AATGAATGCC	2280
	TTAGCATTAC	AAGATAGTTT	AGAACAATTG	GATTGTGATA	CACGAGTATT	AACATCTATT	2340
5	GAAATGAAGC	AAGTGGCTGA	ACCTTATATT	CGTCGTCGTG	CAATTAGACA	CTTAGAAAAG	2400
	AAACGCGTAG	TTATTTTTCG	TGCAGGTATT	GGAAACCCAT	ACTTCTCTAC	AGATACTACA	2460
	GCGGCATTAC	GTGCTGCAGA	AGTTGAAGCA	GATGTTATTT	TAATGGGCAA	AAATAATGTA	2520
10	GATGGTGTAT	ATTCTGCAGA	TCCTAAAGTA	AACAAAGATG	CGGTAAAATA	TGAACATTTA	2580
	ACGCATATTC	AAATGCTTCA	AGAAGGTTTA	CAAGTAATGG	ATTCAACAGC	ATCCTCATTC	2640
	TGTATGGATA	ATAACATTCC	GTAACTGTT	TTCTCTATTA	TGGAAGAAGG	AAATATTAAA	2700
15	CGTGCTGTTA	TGGGTGAAAA	GATAGGTACG	TTAATTACAA	AATAAATTTA	GAGGTGTAAA	2760
	ATAATGAGTG	ACATTATTAA	TGAAACTAAA	TCAAGAATGC	AAAAATCAAT	CGAAAGCTTA	2820
20	TCACGTGAAT	TAGCTAACAT	CAGTGCAGGA	AGAGCTAATT	CAAATTTATT	AAACGGCGTA	2880
	ACAGTTGATT	ACTATGGTGC	ACCAACACCT	GTACAACAAT	TAGCAAGCAT	CAATGTTCCA	2940
	GAAGCACGTT	TACTTGTTAT	TTCTCCATAC	GACAAAACCT	CTGTAGCTGA	CATCGAAAAA	3000
25	GCGATAATAG	CAGCTAACTT	AGGTGTTAAC	CCAACAAGTG	ATGGTGAAGT	GATACGTATT	3060
	GCTGTACCTG	CCTTAACAGA	AGAACGTAGA	AAAGAGCGCG	TTAAAGATGT	TAAGAAAATT	3120
	GGTGAAGAAG	CTAAAGTATC	TGTTGGAAT	ATTCGTCGTG	ATATGAATGA	TCAGTTGAAA	3180
30	AAAGATGAAA	AAAATGGCGA	CATTACTGAA	GATGAGTTGA	GAAGTGGCAC	TGAAGATGTT	3240
	CAGAAAGCAA	CAGACAATTC	AATAAAAGAA	ATTGATCAAA	TGATTGCTGA	TAAAGAAAAA	3300
	GATATTATGT	CAGTATAAAA	CTAATATACA	ATGACATATT	AAAATGCCAG	TATTAAACGA	3360
35	TAATGTAACA	TTTAAATGG	GCATGTTTAA	TTAAATCAAA	GATGCATGTG	ATAATTTAAA	3420
	TTCAATGA	GCATAAAAAT	GGTGTTTTAA	CAAGTTAATT	AAACATATAC	TTTATAAATA	3480
	ATAGGCATTA	GGTATATTGC	TATAATAAAG	TTATGTAATT	TTTAACCTCA	GTATGTATGT	3540
40	CACATTTCTG	GTGTAAACTG	TACCGAGTCA	GACTTTGGTA	CAGTTTTTTT	ATTTGCTTAT	3600
	TCAATGCATT	AAATGAGTAT	GATAAAATGA	TAATGATTGT	TTAGTAACTT	ATACTATATG	3660
45	ACAGAGATGA	TCAGGCTCGG	AGGAAAGACC	ATGTTTAAAA	AGCTAATAAA	TAAAAAGAAC	3720
	ACTATAAATA	ATTATAATGA	AGAATTAGAC	TCGTCTAATA	TACCTGAACA	TATCGCTATT	3780
	ATTATGGATG	GTAATGGGCG	ATGGGCTAAG	AAGCGAAAAA	TGCCTAGAAT	TAAAGGTCAT	3840
50	TACGAAGLAT	GCAAACAATA	AAAAAAATTA	CTAGGGTAGC	TAGTGATATT	GGTGTTAAGT	3900
	ACTTAACTTT	ATACGCCTTT	TCCACTGAAA	ATTGGTCAAG	ACCTGAAAGT	GAAGTAAA	3958

55

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5333 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 170:

10	ATTAAACAA CTTAATATAC CTATTTATGG TGGTCCTTTA GCATTAGGTT TAATCCGTAA	60
	TAAACTTGAA GAACATCATT TATTACGTAC TGCTAAACTA AATGAAATCA ATGAGGACAG	120
	TGTGATTAAA TCTAAGCACT TTACGATTTT TTTCTACTTA ACTACACATA GTATTCCTGA	180
15	AACTTATGGC GTCATCGTAG ATACACCTGA AGGAAAAGTA GTTCATACCG GTGACTTTAA	240
	ATTTGATTTT ACACCTGTAG GCAAACCAGC AAACATTGCT AAAATGGCTC AATTAGGCGA	300
20	AGAAGGCGTT CTATGTTTAC TTTCAGACTC AACAAATTCA CTTGTGCCTG ATTTTACTTT	360
	AAGCGAACGT GAAGTTGGTC AAAACGTAGA TAAGATCTTC CGTAATTGTA AAGGTCGTAT	420
	TATATTTGCT ACCTTCGCTT CTAATATTTA CCGAGTTCAA CAAGCAGTTG AAGCTGCTAT	480
25	CAAAAATAAC CGTAAAATTG TTACGTTCCG TCGTTTCGATG GAAAACAATA TTAAAATAGC	540
	TATGGAACTT GGTATATTA AAGCACCACC TGAAACATTT ATTGAACCTA ATAAAATTAA	600
	TACCGTACCG AAGCATGAGT TATTGATACT ATGTACTGGT TCACAAGGTG AACCAATGGC	660
30	AGCATTATCT AGAATTGCTA ATGGTACTCA TAAGCAAATT AAAATTATAC CTGAAGATAC	720
	CGTTGTATTT AGTTCATCAC CTATCCCAGG TAATACAAA AGTATTAACA GAACTATTAA	780
	TTCCTTGAT AAAGCTGGTG CAGATGTTAT CCATAGCAAG ATTTCTAACA TCCATACTTC	840
35	AGGGCATGGT TCTCAAGGTG ATCAACAATT AATGCTTCGA TTAATCAAGC CGAAATATTT	900
	CTTAECTATT CATGGTGAAT ACCGTATGTT AAAAGCACAT GGTGAGACTG GTGTTGAATG	960
40	CGGCGTTGAA GAAGATAATG TCTTCATCTT TGATATTGGA GATGTCTTAG CTTTAACACA	1020
	CGATTCAGCA CGTAAAGCTG GTCGCATTCC ATCTGGTAAT GTACTTGTTG ATGGTAGTGG	1080
	TATCGGTGAT ATCGGTAATG TTGTAATAAG AGACCGTAAG CTATTATCTG AAGAAGGTTT	1140
45	AGTTATCGTT GTTGTTAGTA TTGATTTTAA TACAAATAAA TTACTTTCTG GTCCAGACAT	1200
	TATTTCTCGA GGATTTGTAT ATATGAGGGA ATCAGGTCAA TTAATTTATG ATGCACAACG	1260
	CAAAATCAAA ACTGATGTTA TTAGTAAGTT AAATCAAAAT AAAGATATTC AATGGCATCA	1320
50	GATTAAATCT TCTATCATTG AACATTACA ACCTTATTTA TTTGAAAAAA CAGCTAGAAA	1380
	ACCAATGATT TTACCAGTCA TTATGAAGGT AAACGAACAA AAAGAATCAA ACAATAAATA	1440

	GCTTTTCTT TATATATGAT GAGCTTGAGA CATAAATCAA TGTTCAATGC TCTACAAAGT	1560
	TATATTGGCA GTAGTTGACT GAACGAAAT GCGCTTGTA CAAGCTTTT TCAATTCTAG	1620
5	TCAGGGGCCC CAACATAGAG AATTTCGAAA AGAAATTCTA CAGGCAATGC GAGTTGGGGT	1680
	GTGGGCCCCA ACAAAGAGAA ATTGGATTCC CAATTCTAC AGACAATGTA AGTTGGGGTG	1740
	GGACGACGAA ATAAATTTTG AGAAATATC ATTTCTGTCC CACTCCCGAT TATCTCGTCG	1800
10	CAATATTTT TTCAAAGCGA TTAAATCAT TATCATGTCC AATCATGATT AAAATATCAC	1860
	CTATTCTAA ATTAATATTT GGATTGGTG AAATGATGAA CTCTTGCCT CGTTTAATTG	1920
	CAATAATGTT AATTCCATAT TGTGCTCTTA TATCTAAATC AATGATAGAC TGCCCCGCCA	1980
15	TCTTTTCAGT TGCTTCAAT TCTACAATAG AATGCTCGTC TGCCAACTCA AGATAATCAA	2040
	GTACACTTGC ACTCGCAACA TTATGCGCAA TACGTCTACC CATATCACGC TCAGGGTGCA	2100
	CAACCGTATC TGCTCCAATT TTATTTAAAA TCTTGCATG ATAATCAATT TGTGCTTTAG	2160
20	CAGTTACTTT TTTTACACCT AACTCTTTTA AAATTAAAGT CGTCAACGTA CTTGATTGAA	2220
	TATTTTCACC AATTGCCACA ATGACATGAT CAAAGTTACG GATACCTAAA CTTTTCATAA	2280
25	CTGCTTCATC TGTAGTGTCT GCAACAACCG CATGAGTAGC GATATCACTA TATTCATTCA	2340
	CTCTATTTTC ATCATGGTCG ATGGCCATTA CATCCATGTC TAATGCATT C AACTCACGAA	2400
	CGATACTACC TCCAAAACGA CCTAGACCGA TGA CTACATA TTCTTTACCC ATACTCGCCC	2460
30	TCCATTAAAT GATTTTCATC AATTCATTGA AAATATAAAT TTAAATTAT TATAAATGAG	2520
	TACCCCAACT AAATTATCTA AATGCAGTAA TGCAAGTAAA TGAAAGTTGG GGTATCGTCT	2580
	CAACTTATGA TTTCTTTCCT TCAACATATT CTTTGTGCGAA AACAAATAAT CTTAATAATA	2640
35	ATATTAACGA TGGAAGTAAT AAAAGTAAAC CTAAAATAAA GACAATCACT AATGTCCAGC	2700
	CCAATTCTGG ATTAACATAT GCATCTGTAA TTTTACAAA CGGATATAAA AGGTATGGCA	2760
	ATTTACTAAT TCCATAGCCA AAGAACGCGA ACATCATTTG TAAAATAACA AATACAAAAG	2820
40	CCAAACCATG TTTTCTTA AAGAATGTTA ACAATGAAGC TAATGCAAAG AATAAGAAAC	2880
	TTATACCAA CATCCACCAA TAGTCAAAA CAGCTGAATA AAAATGTTCA GAATTTTGAA	2940
45	TGCGTAATGA TAGAAATACG AATAAACAAA TGATAATCAT CGGCGGCCCT AAAAATATGT	3000
	GCCATTGTCT TGTTAAATTA TATGCTGGTT CGTCATTTGC TTTT TAGCA TAATATGTCA	3060
	AAAATCCTGA TGAAATATAT AAAACTGAAA TAATTGCCAA GAATACTACA GACCAAGCAA	3120
50	ATGGGCTTAA TAATAACTGC ACCCAATCTA GATCGATAAC ATTGTTTCGA ACATTAATAT	3180
	AGCCACCTTC TGTAATAGTT AAAGCAGTAG ATAATGAAGC TGGAATTAAT AATCCACTTA	3240

55

	AACTGTTTCT CAACGATATC ATAATCAGTG CTATTGAACC TGGTATTAAC AATACCGTGC	3360
	CTAAATATTT GATTGACTCT GGAAAGAAAC CTACGAATCC TACGAAGAAG AAAACAAAGA	3420
5	ATACATTTCGT AACTTCCCAA ACTGGGTTTA AATAACGTGA AATTAAGTGA TTAATTTTCT	3480
	TTTCATCACC AGTTAACTTT GAATGCAATG CGAAGAAACC TGCCCCAAAA TCTATAGAAG	3540
	CAATAATGAT ATAGCAAAAT AAAAACAACC ATAACACTGT TATACCTATA AATGCATAAA	3600
10	TCATTTTTCT ATTTCTCCTC CTTGCTTCTT GGCTAAACGA TTTACATCTT CATACGCCGG	3660
	TTTATTTTTA AACATACGAA TTAATACGTA TGCACATGTA TACATTAAAA TGATGTACAA	3720
	TATGCCAAAT AAAATTGTAA CGAaGGTTAT TCCGCCTGCT TGTGTTGCTG CTTCTGCCAC	3780
15	GCGCATATAA CCACGAACAA TCCAAGGCTG TCTACCCATC TCTGTTAAGA ACCATCCAAA	3840
	TTCTATAGCT AGCATTGAAG CTGGGCCTGT TAATAATATT CCATAAAGCA TCCATTTATG	3900
	AGTAGAAAAC TTTCTAAGCT TTTTAAACAT TAAAGTTAAG ACATAAACAC CTGAAATGAC	3960
20	AAAACATAAA ATTCCCATCG TTACCATTAA ATCAAAGAAA TAATGGACGA TCATAGGCGG	4020
	ATGTAAACTT TTTGGAAAAT CATTTAACCC TTGTACTTTA GTTTTGACAC TATTATCTGC	4080
25	TAAGAAACTC AATAGTCCAG GTAATTCAAT CGCACCTTTA ACTTGCTGAG TCTTTTCATC	4140
	TAACACACCA AATAATAATA ATTTGGCATG GGAAGATGTA TCGAAATGCC ATTCATAAGC	4200
	TGCTAATTTT TCAGGTGGA ATTTATGCAA AAATTTTGCA GATAAATCCC CTGCCAACAT	4260
30	AGAAAGTAAT GTTGAAAAGA ATCCAACAT CATAGACATT TTCAAAGCTT TCTTATGGTA	4320
	GACAGTATCT TTAGGTTGAC GATTACGCAA TAATTTAAAA GCTGCTATTG ATGCAATAAC	4380
	AAATGCCATC GTCATACCGG CTGTAGTAAT TACGTGAAAT GATCGAACTA TAAACGATGG	4440
35	GTAAACATC GCTTCTATAG GTTGAACATT GACCATCTTT CCATTCTTCA ACTCAAACC	4500
	TGCAgGCGTA TTCATAAATG AATTCACCTGA AGTAATGAAG AATGCTGAGA AAGAGCCACC	4560
	AATAATTACT GGTATACTAA TTAAGAAATG TGTCCATTTA TTTTAAAAAC GATCCCAAGT	4620
40	ATATAAATAT AACTTAAGA AAATAGCTTC AAAGAAGAAC GCAAATGTTT CCATAAATAA	4680
	TGGAAGTGCA ATAACGTGTC CACCCATTTT CATAAATGTA GGCCAAATCA ATGATAATTG	4740
45	AAGTCCTATA ATTGTACCTG TAACAACTCC CACTGCTACA GTAATTGTAT AAGCTTTAGC	4800
	CCATCTTTTG GCCATAGCTA TATATTGAAG ATCATTTTTG CGAATACCTA AAAATTCTGC	4860
	AATTGCGAAC ATTAAAGGCA TACCAACACC AATCGTTGCA AAAATGATAT GAACTGCTAA	4920
50	AGTCATAGCT GTCAAAAACC GACTGATTTT AACTGTATCC ATTTAAAAAC ATCACCTTTT	4980
	TCTTTTTTTG ATGACAACAC AATGAACTTA ATTATAATTG CTATAATGTG TATTTTAAA	5040

55



GAATTTCAAT GTATAATTGT GTATATTACA TTAGAATAAA GCACGAAGGA GCATGATACA 5160  
 TGTCAGAAAT AATCGTTTAT ACGCAGAATG ATTGTCCACC TTGTACATTT GTAAAAAATT 5220  
 5 ATCTAAATGA GCATCACATT GATTTTGAAG AGAGAAATAT CAACAATCAA CAATATCGAA 5280  
 ACGAAATGAT AGATTTTGAT GCTTTTTCAA CTCCGTTTAT TTTGTTGAAT GGC 5333

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 171:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 11126 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 171:

ATACGTGACC CTTTATCCGA AAATTTCTTT TCATATTCTG TTAAAATATT ACTGCCATCG 60  
 20 TCTTCTTGAT GTAAATTTAG ATTTATTTTT GTAAAATACA TTCCAAATTG AGACATACTT 120  
 TCTAAACTGT AGGCAAATAG TCCTCTGTTA TCAGTTTAA AATGTAAATC TCCTTCATCA 180  
 25 TTTAAGATTT GTTGATACAA CGCTAAAAAC GTATGATACG TTAAACGTCG TTTTGCAATGA 240  
 CGATTTTTTG GCCATGGATC TGAAAAGTTC AAATAAATAC GCGAAACTTC GCCGTCTTTA 300  
 AAATATTCAT TTAATTCAAT GCGGTCATTA CAAATAATCT TTAAATTTGT TAAACCCATC 360  
 30 TCTTTAACTT TATCCAATAC TTTATAAACG ATACTTTTCT CACGTTCCAT TGAAATATAG 420  
 TTAATATGAG GATTTTGAGC AGCTAATGTT GTAATAAACT GCCCCATACC CGAACCAATT 480  
 TCAATGTGTA TCGGTTGCGT TTTATCAAAC CATTCACTCA TTTTCCCTGc ATGTTGACCG 540  
 35 TCCATGTCAA CCAATTCAGG ATGATCTTTT AAATAATCTT CAGCCCATGG TTTGTATCGA 600  
 ACTCTCATAT TTTATTCTCC TCTTAAATAA ACATGTTACT ATTCATAACT TCATTTAGGA 660  
 ATTTAAGCCA AGTGTTTATA TCCTTATATC TTTTTTGCTC TTCATACCAT TGAACAAGAC 720  
 40 CTATAGATTG AATTACCGTA TACCATTTC ACGTTTATT TAAATTCAAG CTCTCTTGAA 780  
 CACCATATGT TTCAAGCCAT TCAGACCATT GTTGTTGTGG AACATAGTTG TAAAGCAGCA 840  
 45 TTCCGATATC AATTGCCGGG TCTGCAATCA TTGCACCTTC CCAATCAACT AAAAATAGTT 900  
 CATCTCGATC GGATAATAAC CAATTATTAT GATTCACATC ACCATGTACA ACAGTGAAAA 960  
 AACGCGAATC TAAACTCGGT ATATGCTCTT CTAAATAGGT TAATGATTTT CTCACAATAT 1020  
 50 GATGTGTTAA AACTTCTCTT GATAAAGAGG CATTAAATTT ATTAAGCATA ATCTCAGGAG 1080  
 TAATAGGTTT CATTTCATA CGCTTTAACA TACTTAATAA AGGTCTAGAA TTGTGTATCT 1140

	TTTTCCAATG TTGTGCTGTA ACAACCTCGC CTGTTTCTAT GCGTTTCGTC CATACTAATT	1260		
	TGGGCACAAT ACCTTCTGCT GATAATGCCG CAATAAATGG ATTTGAATTT CGTTTTAAAA	1320		
5	ACAACTTTTG TCCATCTTGT TCAGCCATAT ATGCTTCACC AGATGCACCA CCTGCTGAAT	1380		
	CAAGTGTCCA CCCTAATTGA TAAAACTGCT CCAACTCGTC CACCTCACTT TCAATTAGAA	1440		
	AATGGCTCTA GAAATAGGTT TTTCAAGAGC CATATATTCT AATTTATAAC ACCATACTGG	1500		
10	TACAAATATT ATGTCCAGAT AATTATTGTA AATCCTCAAC CAATGCCTAC ATTACACGAC	1560		
	TAAATTTAAA TCGTAATGTC TGTCATTGAC ACCATACATT CTATAGTCAC TTACTTGACA	1620		
	TATAATGTTA CCGTGTCTAA AACTACATGT TTTTGAATCT CTGTAGGCGA TAAACTcTAG	1680		
15	TTTTCAAAAT AATTGCTATC CCATTTTCAT GGTTAGCATA AATTTATGAA CTGTAACATT	1740		
	TACGTACTTA GTAAAATATG ATGCACATCA TATTTGTrAC TCATAGAAAA TTTTATAAtT	1800		
20	TTTATCATTa TATTTCAACT GAAAATGAGA AACAAAATGG CACTTTTTTAC TAATATGTGT	1860		
	TTTCTAAACA ACACTTTTAA GCTTCGTTTT AAATTATAAC ATAATTCACT TACGAAAGTT	1920		
	GATAAATTTA AGTAATTTAA TCTAAAAATA TGATGAAAGA ATTTTAAATA CTGTGTGACT	1980		
25	CTATATACTT TTCAAATCCT TCTTGTAAGT GACGTGTAAT TGGGCCAACT TTACCATCAT	2040		
	TAACTGGTTC ACCATCTAAT TTAATAACAG GTGTAACCTC AGCTGAAGTA CTTGAAACAA	2100		
	TAACTTCATC TCGTTTTTTC AAGAAATCTA CAGTAAACGT TTCTTCTTTA AATGGGATGT	2160		
30	TATAGTCTTC GGCAATTTTT TTAATTACAA TTCGTGTAAT ACCATTAAGA ATATAGTTGT	2220		
	TAATCGGATG TGTATAAATC ACACCGTCTT TAATTGCATA AGCATTACTT GAAGATCCTT	2280		
	CAGTTACAGT TcCACCTCGA TGTGGAATTG CTTCAACTGC ATTATATTTT ACAGCATATT	2340		
35	CTTTTGCTAA TAcATTcTCC TAATAAGTTC AAGCTTTTAA TGTCGCAACG TAACCATCGG	2400		
	ATATcTTCAA CGGTAACACC ATTCACACCA TTTTCTAAAT GATCATAAGG ACGATCATAA	2460		
	TCCTTTGTAT AAGCAACAAT TGCTGGTTCT ACTTCAGGTG TCGGGAAGCT ATGATTCCTT	2520	40	C
	TCAGCTACAC CACGCGTTGC TyGAATATAA ATTGCCCCAG TTTCAATTTG ATTCATATCA	2580		T
	CTAATTTTAC GAGATAGTTC AATTAATTCT TCTACAGAAT AATTTAAATC TAAACCAATC	2640		A
	TCATTGGCAC TACGTWAAAw TCTTTCATAA TGTTCCTGTTA CTGTAAATAA CTTACCATTA	2700	45	T
	TATACTCGAA TGTATTCATA AATACCATCG CCAAATACGT ATCCTCTGTC GTTGTATGAA	2760		T
	CCCTTTGCTT CACTTGGACT TACAAACTCA CCATTTAAAA AAATTTTTTC CATATATTAT	2820		A
	CCTCCACGC ATAATGAATA AATTGCTTCT AAGTAAATAC TAGTTGCGTT AAATAACTGT	2880	50	T
	TTTtagTGA TATATTCATT TTTCTGATGC ATTAAATCTT CAGAATCACT AAACATTGCG	2940		T

	TCAGTCATAT	CATTTGTTTG	ATTTCTATAT	GCAGTAACTA	ACTTTTGTAC	AAAAGGATCA	3060
	TTTTTATCAA	CATAATGTGG	TGGTTGGACT	TTACCTAATT	TCACCTTCAA	GCCATATTGT	3120
5	TGAATCTCAT	TTGCAAAACG	ATCCATAGCT	TTTTCAAATT	CAAATCCTTC	TGGGTAGCGT	3180
	AAGTTGATAC	CGAAAAGACC	TGCGTTTTCA	TTATCATATG	TAATAACACC	AATGTTAGTT	3240
	GTCACGTCAC	CCATGACATC	TGTATGGAAT	TTCATTCCCA	TCTTTTCACC	AAAATCTGAA	3300
10	TTAAATAAGT	AGCGATTACT	AAATGCTACA	AACGCTTG TG	CATTATTATC	AAGATTTAAT	3360
	GATGCTAAGA	ATTTTAGTAA	GTAAAGACCC	GCATTACAC	CGATAGATGG	ATCCATACCA	3420
	TGAACCGCTT	TACCTTCAAC	TGTTAAAACT	AGAATGCCAC	TATCAACAGT	ACTATCACCT	3480
15	TGTAAATGAT	TTTGTCTAA	AAAGTACTCA	AAGTCTTGAA	TAACATCTGT	CATATTTTCT	3540
	TTAACAAGCA	CTCTTGCTTC	TGCATGATCA	GGTACCATGT	TGTAACGTTC	ACCAGATTTA	3600
	AAAGTTATTA	ATTCATAATC	AGGTTTCTCT	TGATCTTCAG	TAAGTTTATT	TTGAACTAAA	3660
20	TCAAATGTTG	TAATGCCTTT	TTCACCATGA	ATACATGGAA	ATTCTGCATC	TGGTGCAAAA	3720
	CCTAATGTTG	GCATTTCTTC	TGTTTTAAAA	TAGCGATCCG	TACATTTCCA	ATCAGATTCT	3780
25	TCATCCGTAC	CAATAATCAT	ATGAATACGT	TTCTTCCAAT	CCACATTCAT	ATCTTCTAAT	3840
	ATCTTAATTG	CATAATAAGC	AGCAATTGTT	GGACCTTTGT	CATCAAGTGT	ACCTCTAGCT	3900
	ATGATAGCAT	CTTCTGTTAC	AACCGGCTCG	AACGGATTAC	TATCCCATCC	ATCACCAGCA	3960
30	GGAACAACGT	CAACATGACA	TAAGATACCT	AATACGTCAT	TTCCTTTACC	TGCCTCAATT	4020
	CTTCCTGCAA	TATGATCCAC	ATCATGTGTT	GTAAATCCAT	CTCTATGTGC	AATTTCATA	4080
	ATGTAGTCTA	ATGCCTTACG	AGGACCTGGA	CCAACCTGGT	CGTCTTCTGA	TGCTTTTGCA	4140
35	TCATCTCTCA	CACTTTCAAT	TGCTAATAAT	CCTTTTAAAGT	CATTAATGAT	TTGATCTTCG	4200
	TATTGTTGAA	CTTTTCTTT	CCACATTGCA	AATCGACTTC	CTTTTTTCTA	TAAGTTAAAT	4260
	TCTATTTTAC	ATGAAAAGAT	ATAAAAATA	CAATAAGATG	TCAGAAAATA	ATAAAAAGGA	4320
40	ACAAAACGAT	GCTATTGATA	TGACACAAAT	CATAAATAGC	TGCTTTGTTC	CTTTTTTAAT	4380
	TTATATATTT	AAAATACACA	TATTCAAGAG	CTCGAGATAT	AAGTCAATGT	ACTAGGCACA	4440
45	CAATTTAATA	TTGACAGTAA	TTAACCGAAC	GAAAATGCGC	CCCGGGGCCC	CAACATAGAG	4500
	AATTTGAAA	AGAAATTCTA	CAGACAATGC	AAGTTGGCGG	GGCCCCAACA	TAGAAGCTGG	4560
	CCAATAGTTA	GCTTTCAATA	ATGTGCAAGT	TGGGGTAAGG	GCCCCAACAC	AGAAGCTGGC	4620
50	CAATAGTCAG	CTTTCAATAA	TGTGCAAGTT	GGGGTAAGGG	CCCCAACACA	GAGAATTTTCG	4680
	AAAAGAAATT	CTACAGACAA	TGCAAGTTGG	CGGGGCCCCA	ACACAGAAGC	TGGCCAATAG	4740

55

	TAAAGAAATA CGTTTTCTTT AGATATTAGT ATTTCTTATG AATGAGTTTC ACGCATGTAT	4860
	TCTTCTTTCT ATATGCATAT TAGCTATGAC TAACGATAAA GAACCTGAAA CACTAATAAA	4920
5	TGTCCTATAG TTTACAATAT TATATTGGCA GTAGTTGACT GAATGAAAAT ACGCTTGTA	4980
	CAAGCTTTTT TCAATTCTAG TCAACCTTGC CGGGGTGGGA CGACGAAATA AATTTTGCTA	5040
	AAATATGATT TCTGTCCAC TCCCTTATCA TTTCTGTCT ACTCACATCT TATTCTTTAT	5100
10	CAGATAATGC ATTTTATTTC TTTTAAAT CTTCTTCAGT GACGATACGT AAATTATTAT	5160
	TTGGTGTGCG CCACCTTCAT CATCAAATTT ACCTTTTTCA ATACTTTCGT CAGTCTTATT	5220
	GTCATATTTC GTAAATTTTG ATTTTCTTC TTTGAAAAAT GCTTTTGGAT TATTTTTTAA	5280
15	TCTATTAGCA TATTCTTTCG GATTGTGTTT TACTTCTTAA ATTGTTTCAT TAGCAATTGT	5340
	TCCTAATTGC GTCGCTTTAT CCTTAGCATT ATCTTTATAG CTTTGAGGAT CTTGTTTATA	5400
	TTTATTATAT TCCTGCTTTC AGCTTGTCAC GACTATCTTT ACGTGTAACA AGTACAGCTG	5460
20	CTACAGCGCC ACCTATACCT AAAATCGCTT TAAATAAATT ACCTTTTGCC ATATCAATCG	5520
	TCTCCCTTTT ATTTATAATT TAATTGTCA AAATCATTTT CAGTTAATAA ACGATATTCT	5580
25	CCTGAATCTA AATTGCTGTC CAATTCTAAA TCAGCAATTT TGATACGTCT TAAATGTAAT	5640
	ACCTCATTTT GAATGCTATG AAACATTTCG TTAACCTTGAT GATATTTTCC TTCATAAATT	5700
	GTTACGTGTG ACGTTTGATT ATCAATATAA GTTAATATTG CAGGCTTAAC CTTGCCATCA	5760
30	GTCAGTGTA CACCCTCTTT AAAAGCTTGA ATGTCGTCTT CAGTGATAGG ATTTGCTGAA	5820
	ATAACTTCAT ATTTTTTAGA AACATGTTTG TTTGGACTCA TTAATTCATG ATTAAAATCA	5880
	CCATCATTCG TTATCAATAA AAGCCCTTCT GTATCTTTAT CAAGACGACC AACCGGAAAA	5940
35	ATATTTAGAT GTTGGTATTC AGGTATTAAA TCAATAACGG TTTTGAATG ATGATCTTCA	6000
	GTTGCTGATA TATAACCTTT TGGCTTATTT AACATAATAT AGACATTTTC AATGTATTCT	6060
	ATTAATTCTC CACGAACTGT TATCTTATCG TTTTCTGGTT CTATATGTGT TTTGGTGAT	6120
40	TTAATTACTT GTTCGTTGAC ATTTACAAGG CCTTTTTTAA GTAACGTGTT GACCTCATTA	6180
	CGTGTACCGA CGCCCATATT TGCTAAAAAT TTATCTATTC TCATCGTAAA AACCTAACTC	6240
45	TACGTCTTAA TTTTTCAGGA ATTTACCTA AGAATTCGTC CGCAAGACGC GTTTTAATTG	6300
	TGATTGTACC GTAAATTAGA ATACCTACTG TAACACCTAA AATAATAATG ATTAAGTAAC	6360
	CAAGTTTAGT AGGTTCTAAG AATAGATTTG CAAGGAAAA TACTAATTCT ACACCTAGCA	6420
50	TCATAATAAA TGAATACAAG AATATTTTTG CAAAATGAAT CCAACTATAG CTGAATTAA	6480
	ACTTCGCATA TTTTTAAGA ATATAGAAAT TACATCCAAT TGCAAATAAT AATGCGATAC	6540

55

	ACTTGATAAC TACAGAAGCT AAAATAACAT AAAGTGTAA TTTCTGTTTA TCTATACCTT	6650
	GTAACATTGA TGCCGTTACA CTTAATAGTG AAATTAGTAT TGCTACAGGC GCATAATAGA	6720
5	ATAATAAGCG ACTACCATCA TGGTTAGGGT CATGACCTAA AACAATTGGA TCGTAACCAT	6780
	AGAAAAGTGT GAATAATGGT TGTGCCAAGG CCATAATTCC AATACTAGCT GGAACAGTTA	6840
	TAAACATTAA TACACCAATA GATGTTCTAA TTTGATGATG CATTTCATGT AAGCGACCTT	6900
10	CTGCAAATGT TTTTGTAATA TAAGGAATTA AACTCACTGC AAAACCAGCA CTTAATGATG	6960
	TCGGAATCAT TACAATTTTA TTAGTTGACA TATTTAGCAT ATTAAAGAAT ATATCTTGTA	7020
	ACTGTGAAGG TATACCAACT AAAGATAAAG CACCGTTATG TGTAATTGA TCTACTAAGT	7080
15	TAAATAATGG ATAATTCAAA CTTACAATAA CGAACGGTAT ACTATAAGCA ATAATTTCTT	7140
	TATACATCTT GCCATATGAC ACATCTATAT CTGTGTAATC AGATTCGACC ATACGATCAA	7200
20	TATTATGCTT ACGCTTTCTC CAGTAATACC AGAGTGTGA TATACCAATA ATCGCACCAA	7260
	CTGCTGCTGC AAAAGTAGCA ATACCATTGG CTAATAAAAT AGAGCCATCA AAGACATTTA	7320
	GTACTAAATA ACTTCCGATT AATATGAAAA TCACGCGTGC AATTTGCTCA GTTACTTCTG	7380
25	ACACTGCTGT TGGCCCCATA GATTTATAAC CTTGGAATAT CCCTCTCCAT GTCGCTAATA	7440
	CAGGAATAAA GATAACAACC ATACTAATGA TTCTTATAAT CCAAGTAATA TCATCGACTG	7500
	ACCAACCGTT TTTATCATGA ATGTTTCTAG CTAATGTAA TTCAGAAATA TAAGGTGCTA	7560
30	AGAAATACAG TACCAAGAAA CCTAAAACAC CGGTAATACT CATTACAATA AAAGTCGATT	7620
	TATAAAATTT CTGACTTACT TTATATGCCC CAATAGCATT ATATTTGCA ACATATTTG	7680
	AAGCTGCTAA TGGTACACCT GCTGTGCGAA CTGCAATTGC AATATTATAT GGTGCATAAG	7740
35	CGTATGTGAA CGGCGCCATA TTTTCTTGTC CACCAATTAA ATAGTTGAAT GGAATGATAA	7800
	AAAGTACGCC CAATACCTTG GTAATTAATA TACTAATGGT AATTAAAAAG GTTCCACGCA	7860
40	CCATTTCTTT ACTTTCCTC ATTACGAATC TCCCTATCTC ATGTTTATTA AAGTTTGTGTA	7920
	AACTAAAAGC TGTTTCTCTG TAAAATCATT TTTCATTATT ATGAATATAT CACAAAAGTT	7980
	TATTTTATTG TCGTATATTC AATGAATTAT CATAACAAA TTATCAACAC ATTGTCATTG	8040
45	AATACTAGAT TTTGATTAGA ATATTACGAA ATTTTCATATA AACATTATAC TACTATTTGA	8100
	GATGAACATC GCATAACAGT AGAAAAATCA TTCTTATCAT ACACATACAT CTTTATTTT	8160
	TATGAAGTTC ACATTATAAA TATATTCAAC ATAATTGTCA TCTCATAACA CAAGAGATAT	8220
50	AGCAAAGTTT AAAAAAGTAC TATAAATAG CAATTGAATG TCCAGTAACA AATTTGGAGG	8280
	AAGCGTATAT GTATCAAACA ATTATTATCG GAGGCGGACC TAGCGGCTTA ATGGCGGCAG	8340

55



	GTAAACTCAA AATATCTGGT GCGGGTAGAT GTAACGTAAC TAATCGATTA CCATATGCTG	8460
	AAATTATTAA GAACATTCCT GGaAATGGGA AATTTTTATA TAGTCCCTTT TCAATTTTTG	8520
5	ATAATGAATC CATCATAGAT TTTTTTGAGT CTAGGGGTGT TAAATTAAAA GAAGAAGATC	8580
	ACGGGCGTAT GTTTCAGTT TCCAACAAAG CACAAGACGT GGTTGATACA TTAGTGACAA	8640
	CTATCGAACG CCAACATGTA ACGATTAAAG AAGAAGAAGC TGTTAGTAGA ATCGAAGTTA	8700
10	ATACAGACCA AACTTTCACT GTACATACTC AAAATAATAG TTATGAAAGC CATTGCTAG	8760
	TGATTGCTAC AGGTGGTACA AGTGTCCCTC AAACTGGTTC AACTGGTGAT GGTATAAGT	8820
	TCGCACAAGA TTTAGGTCAT ACCATTACTG AGTTATTCCC GACCGAAGTT CCAATTACAT	8880
15	CAGCTGAACC TTTCATCAAA TCCAATCGTC TAAAAGGTTT AAGTTTAAAA GATGTTGAAT	8940
	TGTCAGTACT TAAGAAAAAT GGTA AAAAAC GCATCAGTCA TCAAATGGAT ATGTTATTTA	9000
	CTCATTTTGG TATCAGTGGT CCAGCTGCAT TAAGATGTAG TCAGTTTGTT TATAAAGAAC	9060
20	AAAAAATCA AAAGACACAG CACATTTCTA TGGCAATCGA TGCATTCCT GAATTAAACC	9120
	ATGAACAATT AAAACAACAC ATCACATCAT TATTATCGGA CACACCAGAT AAAATCATT	9180
25	AAAACAGTTT GCATGGTCTA ATTGAAGAGC GCTACTTACT GTTCATGCTG GAACAAGCAG	9240
	GAATCGATGA AAATACCACA TCACATCACT TATCAAATCA ACAATTGAAC GACTTAGTAA	9300
	ATATGTTTAA AGGGTTTGTA TTAAAGGTGA ACGGGACATT ACCTATAGAT AAGGCATTG	9360
30	TCACAGGTGG TGGTGTGTCA CTAAAGAAA TTCAACCTAA AACAATGATG TCTAAATTAG	9420
	TTCCGGGATT ATTTTATGT GGTGAAGTAT TAGATATACA TGGTTATACT GGTGGTTATA	9480
	ATATTACAAG TGCACTCGTA ACAGGACATG TCGCTGGATT ATATGCCGGA CATTACTCAC	9540
35	ATGCATCAAT GGAATAATAG TATAAAATT GGTTCGATTC TCTTTAGTAG ATCAACTTTT	9600
	TCATTCAAAT AAAAATGACC TTAATATAAC TGAGTCACTA AAAAGTGTCG TTATATTAAG	9660
	GTCATTCGT TAATTATGAT TCTTTTCGT TTTTAGTACG TCTTCTAGCT AACAAAGCCG	9720
40	CACCTGTAAT CAGTGCAAAT TCTTTCAATG GTAAATCCAT TCCTTCAGAA CCTGTATTTG	9780
	GAAGTTCTTT TTCAACTTTG CGCGATTCAT GTGTCTCTTC TTTTAAATA GCGGTACAAA	9840
45	CTTTTGGAGC TGGCTGAATT TCTTTTGGTG ATACTTTCGT CGCTTCAGCT GGTAATTTAA	9900
	TTGCTAAAAT TTCATCAACA ATGAATTGCG TGTGTTGTTT GATGTCATTT AATGTCGCAT	9960
	CTTCATCAAT CATTCTATTG CCATCTGCAA CATATTGATC AATTAATACT TTTACTTTAG	10020
50	CTAATTGTTT TGGTGTTGCG ATCGCTTTGA ATTCGCATA TGTTTGTGTA GCAATGTTAT	10080
	CAATTCGCAG TAAGCTATTT TCTTTTTCAG TAATTACTGC TTCTATATCG CTTAATGCAA	10140

55

CATCCATTTG TAATTTTAAA GCAGTTATAG CTTTTAATGC ATCAGCCTTA TTACGATTAC 10260  
 TTAATTTTCG ATAATTTTGC ACTAAAGCAG TGACGCGTGC AAGATCATCA TTAATCGTTT 10320  
 5 TTTTCAAGATC TGGCTTTTAA ATAGGATGTA CATCTAAATC ATGTATTGTT TGTAGATTAA 10380  
 ATGATGCTGT TTTATCAACT TGTGCATTGC TACGATCTTG ATCAATTTGT CCAATAGCAG 10440  
 TGTGATAAAT ATTTTGTAAC TGTGCTAATA TACTATTTCT TTCTTCTACC GTTGCTTGAA 10500  
 10 TATTCGCTTC AATTGCTTGT TTTTATCGT TGAATAATGT TGTCAATTGT TCTCGAGCAG 10560  
 ACGCCTTTCT GTTAATAACA GGTTCGATTT CACGAATTTT GTTTTTCTCA TCATGCAATA 10620  
 AATATGCCAC ATCTGCATTA GTCACCTGCAC TAGCAATTTG TTGTTTAGCT TTAATTAACT 10680  
 15 CTTTTTCAAC TTGTGCTATT GCAATATTTT GTTCTTCATC TGTCGCTTCG TTATTTGCTT 10740  
 TAATTAAATT AATTTTATTT GTAGCGATAT TTTGAATTTG TTGTAATGCT GTTGCTTTAA 10800  
 CTGTTGTCGC TGGTTTAAAT TTTGAAATAA TATTTTGAGC ATTTATACTA TCTTGATTAA 10860  
 20 CTTGGGCGAGT CTTATCTGCA TGATTGATCT GATCAATAGC CTGATTAAAGT GCTTGTTCTA 10920  
 CTAAATGTTT AGCAGCTAGT CTTTCTTCTT CAGTTGATAA ATCGCTTTGA TCGATTAGTG 10980  
 25 CATTTTGAGC TTCGGCTTTT ACACCAACAG ATTGACGCGC TGCTGGTTTA ACTTGAACTT 11040  
 TAGGTAAAAT CACTTTGATG TTGTCGTTGC CATCAGTCnC AGTnCGATCC ACTTCTGCAT 11100  
 TCGTTTTGTT TTGTGCAATG TCATTT 11126

30 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 172:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3660 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 35 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 172:

40 TTGCCCCGCA CGGCGGTGTG nTTCCTAGAA ATAATGAATA TAAAGaGAAA TATATAACAA 60  
 CGATTTTGAA TTATGAACCT GGTGATATCG TTACAATCAA ACGTGTGAGA GATAAGACCG 120  
 45 ATTTGCTAAT ATATTTGTCT AGTAAAGATA TTTCTATTGG TAATGAAGTG GAAATTGTAT 180  
 CGAAAGATGA AATGAATAAA GTAATTATCA TTAAACGTAA TGATAATGTA ATTATTGTCA 240  
 GTTACGAAAA TGCAATGAAC ATGTTTGCTG AAAAATAAAA TAAAGAAGCC ATAAAGATAT 300  
 50 CCATGATTGA ACTGATAAAG ACATATGGAT AATTGCTTTA GGCTTCTTTT TTATTAGTTA 360  
 ATTTATCAAG TGAGTATATT TGAGTAAAAT ATTCAGTGCA TAAAGATTGA AGATAATCCA 420

55

	CTGTGGACTC GGACGCTGGA AAGTCAATTT AGCAATCGTC CAACTAGATT GTAGAACTTC	540
	GCCTAATAAT ACACCTAAAA TATATTGATA ACTCATTGTG ACAAGTAGTT GAATTTCTAC	600
5	TATATTTTCA TCTTTTAATA TAAAATACAA CATGATAGAA ATTAAAGTTA TAACAACAAT	660
	GGGTGAGCCT TTTCTAGATG TTAAAATTAA AAAATAAATA AATATCAATA AATAGGTAAA	720
	TATAAGAAA CTAGGTATCT GATAATGGCT CGACGCTAAA CCTATCAATA ACATAATAGG	780
10	TGGCATAAAA TAACCACCAA TCGTTGTAAG CCATTGGCCT GCTAGATGTC TAGATTGTGT	840
	AATTGCGAAT CCTTGTTGTA ATGTCTGTTG TCGCTCTCGT GGACTTGTTA CAATGACTAA	900
	ATCTTTTGCA CGGCCACCAG CGAGTTTATT AAACAGTACA TGACCAAATT CATGTGTTAA	960
15	AACAGGGATA TAGTTTAAAA TGACATCTAA ATAGTTCAAA ACAGGCTTAT GTCTATATTG	1020
	ATGAATAGCA ATATAACAAG CTGCAACAAT AACGATAATG TATATATTAA GTTGAATTGT	1080
20	CGTATTAAAA AAGTTTGATA AATAATTCAT TGTTAACCTC ATATAAGATA TTAATTTAAA	1140
	GTTTGCTTAT CACTTATTAT AAATGATATT GGCATCAATA GCGTTAGACT TTAGACTTAC	1200
	CTTAGTTAAA CTAATTTTAA TTTTGA AAA GGTGAATATG TGTTAAAATA AAGCAAAATC	1260
25	ATTTGATAT AAATAGGATG AATATAAATA CTGTTAATAT TGATTACACT AACATAATAA	1320
	TGAAATAAGA TAGGAGATTC CTGTTATGAC TGTTGAAGAA AGATCCAATA CAGCCAAAGT	1380
	TGACATTTTA GGGGTCGATT TTGATAATAC AACAATGTTG CAAATGGTTG AAAATATTAA	1440
30	AACCTTTTTT GCAAATCAAT CAACGAATA TCTTTTATA GTAACAGCCA ACCCTGAAAT	1500
	AGTGAATTAC GCGACGACAC ATCAAGCGTA TTTAGAGTTA ATAAATCAAG CGAGCTATAT	1560
	TGTTGCTGAT GGGACAGGAG TAGTCAAAGC TTCGCATCGT TTAAAGCAAC CTCTAGCGCA	1620
35	TCGTATACCT GGTATTGAGT TGATGGATGA ATGTTTGAAA ATTGCTCATG TAAATCATCA	1680
	AAAAGTATTT TTGCTAGGGG CAACTAATGA AGTTGTAGAA GCGGCACAAT ATGCATTGCA	1740
	ACAAAGATAT CCAAACATAT CGTTTGCACA TCATCACGGT TATATTGATT TAGAAGATGA	1800
40	GACAGTAGTG AACGnAnTTA AACTGTTTAA ACCTGATTAC ATATTTGTAG GTATGGGATT	1860
	CCCTAAACAA GAAGAATGGA TTATGACACA TGAAAACCAA TTTGAATCTA CAGTGATGAT	1920
45	GGGCGTAGGT GGTTCCTTG AAGTATTTGC TGGGGCTAAA AAGAGAGCGC CTTATATCTT	1980
	TAGAAAATTA AACATTGAAT GGATATATAG AGCATTAATA GATTGGAAAC GTATTGGTAG	2040
	ATTAAAGAGT ATTCCAATAT TTATGTATAA AATAGCCAAA GCaAAAAGAA AAATAAAAAA	2100
50	GGCGAAATAA TCATGATGAC AAAAATAAAA CCGAGGAAAT CCTTAAATGG AGATTCTCGG	2160
	TTTTTTCGGT TTATTTAATA ACGAAGCGGG ACTCATCGAG TTTGTTTCTA AATTCTTTTT	2220

55

	CATCAAGTTC ACCGTAATCT TTTAACTTTC CGCCTTCAAT CCAAGCAATC TTAGTACAAA	2340
	ATTGTCTCAC TTGTCCTAAG TTATGACTAA CGAAAAAGAT GGTTTTGTTT TGCTCTTTAA	2400
5	ACTCGTAAAT TTTATCTAAA CATT TTTGTG CAAAAGTTTG GTCACCTACA GATAAAGCTT	2460
	CGTCAATGAC TAAGATATCT GGATTAAGTGTG TGATATTAAT TGAAAAACCA AGTTTTGCAC	2520
	GCATACCACT TGAATACTTT TTAAGTGGTT GATAAATAAA CTCACCAAGT TCACTAAATT	2580
10	CAATAATCTT AGGTGTCATC GCTTTAATTT CTTTTGCTT AAAGCCCATATA CATAACATTT	2640
	TAAATTCGAT ATTTTCAATC CCTGTAAGTT GTCCACTCAA GCCAGCACTA ATTGCGATAA	2700
	CGCTGACTTC ACCATTACGA TCCACTTTGC CAACAGTAGG CGACAAAGAA CCGCCAATGA	2760
15	TATTGCTCAA CGTTGATTTG CCGGAACCAT TGATGCCAAC AAGCCCTATG ACGTCACCTT	2820
	CATATGCTTT TAAACTAATG TCATCTAAAG CGAAAAATGT TTTGTTTTTA TGT TTTGGGAA	2880
20	TGAGCGCATC TTTCATACGT TCTTTATTTG TACGATAAAT ACGATATTCT TTTGTTACAT	2940
	TTTTAATGTT TACCGAAACG TTCATTTGTA GACCTTCCTT ATTCACATTT ATCTAGATTA	3000
	TAATATACTA CTCAACAGTT GTTAAATTTT AAAACCTGTT GTAAAGTGTA TAGAAGATTT	3060
25	TGTTATTATC AGAGTGGGTG TTTTGACACA AAATGTTAAT CATCAATGAT AACAATGATA	3120
	TTTAAAACT AAACCTATTT CAACCTACAT GATTGTATAC TATAATGTAT TTGTAATAAA	3180
	CTAATATTTT AAAGAACTAG ACAATAATTT TGATAGCATC CATGTATAGT GATAGTATTT	3240
30	ACAACAATTA TTATAATACT ATTTAGTTAA GTAGAGAAAT AGTTAAACAT TTGAAAGTGT	3300
	GGTTTAATGG AATGTCAGCA ATAGGAACAG TTTTAAAGA ACATGTAAAG AAC TTTTATT	3360
	TAATTCAAAG ACTGGCTCAG TTTCAAGTTA AAATTATCAA TCATAGTAAC TATTTAGGTG	3420
35	TGGCTTGGGA ATTAATTAAC CCTGTTATGC AAATTATGGT TTACTGGATG GTTTTTGGAT	3480
	TAGGAATAAG AAGTAATGCA CCAATTCATG GTGTACCTTT TGTTTATTGG TTATTGGTTG	3540
40	GTATCAGTAT GTGGTTCTTC ATCAACCAAG GTATTTTAGA AGGTACTAAA GCAATTACAC	3600
	AAAAGTTTAA TCAAGTATCG AAAATGAACT TCCCGTTATC GATATACCGA CATATATTGT	3660

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 173:

- 45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 13868 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 173:

55

	ATTAATCACT TGTGTGTAG AGTCTTGTCC GTTTGGTTA TGATTGTTAG CCATGATATA	120
	CCTCCCTTAC AACACTCGTG GACCAGAAGT TTTCTGATCT CTCACATTAA CTTCTAACTT	180
5	ACGTACTGGC ATTTCTGTGA AATATTCTAC ATTCTTTTAA ATATCCGAAC GAATTGCTTC	240
	AGTTAAAGAT TGAACCTGAA CATTATTTGG TACGAAAAAG TCAGTTTAA TGTCGATATA	300
	AGATTTATTT TTTTGTAT ATAGTTTCGC AACTACATTT GGTGTCTTA CTTGATCATA	360
10	TTTTGCAACC GTATCGAATG CCGTCTTTTC AACAGCTTTA CGAGATACGT AAACATGACC	420
	ATCATCGAAG TCTTTGTATA ATCCAGGTTT TCGATGCGTA GGTTTGAAGA TACTAAATAC	480
	TAATATAAGA CCTATTAATA TCAATAGTGC AGCAAGTGAA ATAAGTAATG GTTGAACCA	540
15	TTCAAATTGA AGGAAGTAGT CTTGATATTC AGTTATACGT CCATCTTGA TATACATGAA	600
	TAACAGGAAC CCCACGaTTA CTACTATTAA TAAGCCAAGG ATAAAGTTTT TAAGTCGTTT	660
20	CACCCCTAAC GACACCTCCT TAGTTAAAGT TAATTTAAAA ACATATTAAA TATGTACCCA	720
	TCAGTTTTTT TCTTAAACAT AATAAATTAA TAACTTTAAA TTTATTTTAA ATATATAAGA	780
	TGAAGTACCA TTTAGTAATA TATTCCTAG TTTTGTAAA TAAACCTCA TTATTAAATTA	840
25	ATTyTCGTCA ATATGTTTTG AAGAACGATA TTCTAAAATA TCTGGGTCAC GATGTTTAAT	900
	TAAACCTTA TTAATAATTC TCGGTTTCTC CTCCTCAAA GATTTTATAA GCGACCATAT	960
	CATCGCTATA ATGACCACGG AAAATGGTAA CGCAGCAATG ATTAATAAAT TTTGAATTGC	1020
30	TTGAGTACCA CCTGTGTAAA TCATGATGAT TGCAAATAAT GCCATAATGA TACCCCAACT	1080
	CACTTTGACA AATGACTTCG GATTAATATC ACCACTTGAA CTCAACATAC CTAAACATA	1140
	AGTTGCCGAA TCCGCTGATG TAACAAAGAA AATCATAATA ACAAGTAAAG TAATTAAGCT	1200
35	TAATACAAAA CCTAGCGGAT AATGTTGTAG CGTCGCAAAA GTTGCTGTTT CTGTGCGAGC	1260
	TTTAQCAATA TCGGCAATAT GATTATCTTG TAAGTAAATT GCTGACGCGC CGAATACCGC	1320
	AAAGAATATA AAGCAAATA ACGCCGGGAC AAAAAGTACA CCTAGAATAA ATTCTTTAAT	1380
40	CGTACGTCCT TTTGACACAC GTGCAATAAA TATACCTACA AATGGTGCCC AAGATATCCA	1440
	CCATGCCCAG TAAAAGATTG TCCAATTTTG TAACCATTTG AATTTTGGAC CACCTGTCCG	1500
45	AATGCGTAAA CTCATACTAA AGAAATTTGC AATATAATTA CCTAGACCAT TCGTAAATGT	1560
	ATTTAAAATG TATAGCGTTG GCCCAACAAT AAAAAGACCA ATAAGTACTA CAAAAGCAAG	1620
	TAACATGTTG ATATTACTCA ACGTTTTGAT ACCTTTATCG ATACCTGACC ATGCTGACCA	1680
50	AGTAAATAAT ATGGTTGCAA TGACAATCAA GATTACTTGC ATCGTGAAGT TACTCGGTAC	1740
	ATTAAATAAA AAATGTAAAC CTTGTTTAT TTGCAATGCA CCGAAACCTA ATGTTGCAGC	1800

55



	CATTGCCTTT TCACCTAATA AAGGCGTCAA TGTAGCGCTG ACTAAGCCAG GATATCCTTT	1920
	ATGAAAGCTA AAATATGCAA ACACTAGCGC GACAATACCA TAGACTGCCC ATGCATGAAT	1980
5	CCCCCAATGG AAAAATGAAA ACTGCATTGC ATCATTAAATT GCAGATTGCG TGCCAGCTTT	2040
	ATGAATAGGC GTTAATTTGA AGGCATGACT GATTGGTTCT GCCGTTGTCC AGAACACAAG	2100
	TCCTATTCCC ATACCAGCAC TAAATAACAT AGCAAACCAA GACGGCAATG AGAATTCAGG	2160
10	ATCTTCGCCT TCTTCACCTA ATGTAATGTT TGCCTATCTC GAAAATAAAA TATACACACA	2220
	GACAAATAAA ATAACTAAAA CGAGCAATAA ATAATACCAA GAAAAATGTA GCGCAATAAA	2280
	TGTAGTAATG TTTTGCCTGA GTTTTTCTAA CTGTTTCGGA AATATTGCTC CAAAAGCAAC	2340
15	AAATATCGTA CATATCACTA AAGATACCCA AAACACTAGA CTTACTGATT TATTTTTCAT	2400
	AAATACAAAC CCTTTCTGTG TAATGGTAAG TTCATACCCA TAACTGCAAC ATTTTAATCA	2460
20	TTTGTAATTT TATATAGACA CAATTAATAA TGCCTCATCT TTTAAAAATG ATATATAAAA	2520
	CACACTCAAA TTATTTATCA TTGAGCAACA AAGTATTTTA TTGTATTTAA GTAATGCCTT	2580
	TCTAGTGCAT TATTGATTTG ATACCTGCAA AGTTGCCATA TTTCCGTTTA GAATCAATAG	2640
25	TCGCTAGACA CAAAAAATAA GTCGCCTATA CAGTATTTTC TGCATAAGGC GACTTTACTT	2700
	ACTAATCTAT ATATTAATTA CTAATTTTCC AATCATTGAT TGTTTTTCCA ACAATTGATG	2760
	TGCTTGATAT AAGTTTTTCAG GTGATAAACC TTCAAAAAC TGTGTCGTTG TTGGTTGGTA	2820
30	ATGCCCTGAT TCTATATTTT TCGTAATATC TTCTAAATAC TCATGTTGTT TAATCATATC	2880
	AGGCGTTCGA TGAATTGGAC GCGCAAACAT AAATTCATGT GTAAATGTTA TACTTTTTAA	2940
	TTTTAATGCA TTTAAATCTT GATCTTCATT AAAAGCTACG ATAGTCGTAA TATGCCCTAA	3000
35	TGGTTTTATC AGTTCAATCA TAGTATTGTA ATACAAGTCT GTATTATAGG TGCAAAATAT	3060
	ATAATCTACT AATGGAATTT CTTTAAATTG ACGCACTAAA TCCTCTTTAT GATTCAATAC	3120
	GATATCTGCG CCCATCTTTT CACACCACTC TGTTGTTTCT TGTCGTGATG CTGTTGTAAT	3180
40	GACAGTTAAA CCATACCGTT TAGCAATTTG AGTGGCTATA CTGCCTACAC CACCGGCACC	3240
	ATTAATGATT AAGACAGACT TCCCTTCGTT TTCAGCAGGA TTCGTAGAAA TTTTAAATGT	3300
45	ATCAAAAAAC GTTTCATATG CCGTAATACC AGTTAGCGGT AGACTAACCG CTTCATTAGC	3360
	ACTTATGTTG TGTGGTGCTT TTGCAACTAT AGCTTCTGAC ACCAATTGAT ATGTCGCATT	3420
	TGATCCTTGT CTATTTGGCG ATCCAGCATA AAATACAACG TCACCCGGAC TAAATAATGT	3480
50	AACGTCTGGT CCGATAGCTT CAACAGTACC AATAGCATCA AACCCAAGTA CACGAGGTGC	3540
	TTGAGTGACT TCCATTTGTC GTTGCTTTGT ATCTACAGGA TTTACACTAA TGCTATTTAC	3600

55

	ATTTCTTCT	TCCAATTAA	AGGGCTTCTC	AAATCCTATC	ATTTTCATAT	CGTTTCACCT	3720
	CATTTATGAA	CTTATTTCTT	ATTATACAAA	ATAGAAGCCA	TGTGTGCTTA	TATCGCAGCA	3780
5	TCATGACTCC	TTTTTCATTT	GAATATATAA	ATAATTACAG	ACGACTTTTCG	TATTAAATTT	3840
	TAGACTTATT	TCTACCATGT	TGCTGAACAA	ATTTACTTTA	GATAAAAAAT	TATTAAATTT	3900
	TGGTCAATTA	ACAAAGTTAG	TTTGTTAAAA	CGTgATACTT	TATTATTCCG	TTACTTTAAT	3960
10	AACTTGTTTA	CCAAAGTTAT	CGCCAGTaAA	TAAATTTTTA	AATGCATGTG	GCGCATTTTC	4020
	AAAACCATCT	TCAATGGTTA	CTTGTGACTG	AATTTTACCT	TCTTGAACCC	ATGTTGCAAG	4080
	CTGTTCACTA	GCTTCTTTAA	AAGCATTAGC	GAATTCACCT	ACCAAGAAGC	CTCTCATCAT	4140
15	TACTTGCTTC	TTAATAAGCG	TACCTTGAAT	ACGTGGTCCG	ATATCGGCTT	CAGGATGATT	4200
	ATATGACGAA	ATTGCGCCAC	ATACTGGTAC	ACGTGCAAAA	CGATTTAAAT	GCTTAAATAC	4260
20	TTCATCGCCA	ACTGTTCCAC	CAACATTTTC	AAAATAAACA	TCAATACCAT	CTGGTACTGC	4320
	TTGTGCTAAC	GCTTCTGCAA	AATCCTCTTT	CTTATAATCA	ATACCAGCGT	CAAAGCCCAG	4380
	TGTCTCTGTT	AAATAATTTA	CTTTTTTGTC	GCCACCCGCA	ATACCTACTA	CACGGCAACC	4440
25	TTTAATCTTA	GCAATTTGAC	CTACAACCTGA	ACCTACAGCA	CCAGATGCAG	CTGAAACCAC	4500
	AACAGTATCA	CCGGCTTTAG	GTTGTCCAAT	ATCAAGCAGA	CCATGATATG	CTGTTTGTCC	4560
	TGGCATTCCCT	AAAACACTTA	AATATAAATC	AAGTGGTACA	TCTGTCTGTTG	GAACCTTAGT	4620
30	AATTTGATCC	GCTTGGACAT	GATTAATGAT	TCGCCAAGGC	AACATACCTA	CAACGACATC	4680
	TCCTTTTTTA	TAATCTGCGA	GTGTCGAATC	AATTACTTTT	GCAACGACAT	GGCTAACAAT	4740
	CGGTTTACCA	ATTTCAAAAG	GCTGTACATA	CGAATCTGCC	TTAGTCATAC	GTCCTCTCAT	4800
35	ATATGGATCC	ACTGAAATAT	ACAGCGTTTG	TACAAGTACA	CCATCGCTCT	CAAGTTTaGG	4860
	CGTGfCAATC	TCTTCaATTT	TGAATGTATC	CTCTTGAGGC	ATGCCkTCTG	GTATTTTGTT	4920
40	AAAAAGAATT	TGTTTATTTT	GCATCATTAA	TCACCTTTCT	TTATTTGAAA	CTTTTACTTA	4980
	TTTGTTACTT	AAGCGTTAAG	TTTGAATTGT	GTCTTCGTGA	TGTCTGTATG	CAAATACATT	5040
	CTTAGTTGTT	ATATTTTGAC	TTAAGCACTG	ATTCATTTCAT	GTAACCTCAA	CCACATTATA	5100
45	TTTGCTATAA	TCATAAATTT	AAAATGTTAC	GACTTAGACA	TTTTATGGAA	ACTCTCAAAC	5160
	AATAGATAAT	TTTTGAAAAG	CTCTAATATT	ACAAGCTTTT	TTGCCCCAGA	AAAACCTAGCA	5220
	GTTGCTTTAT	TTTTTCCATA	AGAAGTCGAT	TAACTCATT	GCAACATTTT	CATTCTCATG	5280
50	AAGCTGACTA	TGTTGTGCAG	GCTCACCTTC	ATATTTAGAT	TCTCGATAAC	TTTTCGGACT	5340
	ATTTCCAGT	AAATATTTTA	ATGATTTCTGA	AGAACTATTA	GACACTCTGC	CGTCTGAATG	5400

55

	ATCTTTTAGC	ACGCGTAATT	GCTGATAAGG	TTGATTCATT	CGACTTGGTT	TACCATCTTT	5520
	ATCAACTGTA	ATTTCAATTGA	CATCTTCATT	CATATTTAAA	ACACCATTAA	ATGTCCCTGC	5580
5	AATATTCACT	TGTTTGTTTA	ACTGTGGCAG	TGACTTGTCTG	TTACCATATG	TCATCATATA	5640
	TTGTGCAAAT	GTAAAGTTCC	CCATTGAGTG	ACCGACAAAG	TTGAATTTAT	CGAAATTGTA	5700
	TTCAGATTGT	AACCTAGTCA	GTACATTTTT	AAACCACGCA	GCATTCTTAT	CCAAATAGCC	5760
10	TTGTCTGTTA	TTTTCAAGTT	CAATTTTCAC	AATAGGATTC	ACTGCATCTT	TTCTTAGTTT	5820
	CCCTTTAAAT	GTCAGTGCAC	CATCCTTTGA	AACGTAAGCA	GTGATGATAT	CTTTAGTTAC	5880
	CCCTCTTTTT	TCTGCTTGCT	TCACCATAAA	CTTTTCAGAA	TTGGCACTAC	CACCAAATCC	5940
15	ATGTAAGAAC	AATGTTGGAA	TTGGCTTTTT	AACAAATTGC	TGTTGTTGTA	TTTTAAATGT	6000
	TTGTGCCTGT	CGTTGACTAA	ACACCACCAT	AATAATAGAG	CCTATAATAA	TAGCGACCGC	6060
	TAACAATGTC	GTAATAATTA	CAAAAATTTT	CTTCACACTT	TTAACTCCCA	TTCATGTCTT	6120
20	TTATATAAGT	ATAAAGGATG	TGATTAAAAA	TGTCCTTTAG	TTGATTTTGA	ATACATCATT	6180
	AACTTTTAAG	ATGACTTTGG	AAAGTTGTCC	GTAAACGTTT	GTAAATTGAT	TGCTTCTTTA	6240
25	GCTTTCAATG	GTGTGTCACC	CATTGATTAA	TATATAAATA	TGTATATGCA	TGTTTAATTT	6300
	ATCTCTTTCT	ATAAATAAAG	ACCTACCAGC	ACTCGACTGA	TAGGCCTTTT	AATATCTATA	6360
	ATTATTTAAT	TTCTTTTGTT	TCGGCTAACT	CTTTGTACCA	ATAAGCACTT	TTCTTAGGAT	6420
30	AACGTTCTTG	AGTCTCAAAA	TCGACATAGA	ATAAACCATA	TCGTTTTTCA	TAACCATTTG	6480
	ACCAAGAGAA	CACATCCATT	AATGACCAAA	TAAAGTAACC	TTTAACATTT	GCACCATCTA	6540
	TAATAGCATC	TGCAATAACG	TTCAAATGTT	GTCTTACATA	ATCAATACGT	GCATCATCAT	6600
35	GAACTGTTTT	TTCAGATTCA	ATAAATTCAT	CTTTATATCC	TAAACCATTT	TCAGTGATAT	6660
	AAATCTTATG	aTAGTTAGGA	TAATCTTTAA	CAACACGCAT	GaTTTGATCA	TATAAACCTT	6720
	GAGGATAGAT	CATCCAGTCC	CAGTCTGTGC	GAGGTACGTC	GACATCAAAT	TCACGTTGTC	6780
40	CGACACCTTT	AAGTTGGTAT	TTAGAACCGC	CTTTATCACC	TGTCGCATTA	TGCGTGATTT	6840
	CAGATTCTCC	ATCGTAACCT	CTCATCCAAT	CACTCATGTA	GTAATTGATA	CCTAAGAAGT	6900
45	CGTTTAAATC	TTTGGCTGCA	TCTAAAATGG	CATAATCTTC	ATCTGTAATG	TTTAATTTAC	6960
	CGCCATTAAAC	AGATAAGATA	TGTTGCACAC	CTTCCATCGT	TTACGAGAA	TACTTACCTA	7020
	AATATGTTGC	ATCTAAGATG	AATTTATTAT	GGATGATATC	TTCTAATTCT	GCTGCACGAA	7080
50	CATCTTCAGG	ATTTGATGGA	TCGAACGGAT	ATTTTGTGG	CAATGCGTGT	ACAACACCAA	7140
	TTTCTCCTTT	GTATCCGCCA	TCTTTAAATA	ATTTTACTGC	TCTAGCATGA	GCCACCATCA	7200

55

	CTACTAAATA TTGACCATCA CCAATAGGTC CAATTTTCATT GAATGTAGTC CAATATTTTA	7320
	CTTCTGGGAA TTCTTTAAAA CAATATTCAG CATAATCTAC AAAGTAGTCA ATCGTTTTAC	7380
5	GATTTAGAAA ATCGCCATCT TTGTGTAaCA CTTCTGGTGT ATCAAAATGA TGCAATGTTA	7440
	CAAATGGTTC AACATGACGT TTATGACACT CTGCAAATAA CTTATGGTAA TACTCAACAC	7500
	CTTTAGGGTT AACTTCGCCA TATCCATTTG GGAAGATACG AGACCATGCA ATTGAAATTC	7560
10	GGATACCATT AACACCGAAT TTTTCACTTA ATTCTAAATC CACTGGATAT CTGTTATAAA	7620
	AATCACTCGC TGGTTCTGCA GTGTACCAAT AGTTTTCTTC TAAATACGTA TCCCATGCTA	7680
	CGCGACCTTT ACCATCCGTA TTTGTGCGAC CTTCTGCTTG ATATGCTGCT GTTGCTCCAC	7740
15	CAAAAATAAA ATCTTCAGGT AATGTTTTAG TCATATGAAA AACTCCTATT CTTAATTTTC	7800
	AAATTGTTGT TGAACGAAAT CAAGGGCTGC TTGGCCATCT CGTGTCAATT TGATATATTC	7860
20	AGCACCTTGA GTCTTCGCTA ATTTAATACC TAATCTATCT GTATCTTGCT TAATATCTTC	7920
	ATAGTTAGAC GCAACTTGTG GCGCTAAAAT GATTAATTGG TACTCTTTCA TAATGTCCAT	7980
	ATGTGCGCCA TATCCGCCAG CTGCCGCTTT CACTGGCACA TGATATTCTT CAGCTGCTTT	8040
25	ATTAAGTGCA TTGGCTAATA ATCCACTTGT ACCACCACCG GCACAAAGTA CTAAGACATT	8100
	TGTTTGTCT GTGATATTTG AAGCTTTAGC TGCATCGTCT GATACACCAC TTGCCGCTAA	8160
	AATTGAATCA GCTTTTTTCG TATCAAAGTT TGCTGCAACT TTTTCTTTTA AATCTGAATT	8220
30	ACTTTCTTTA CGTCCTTCTT CTTTCATCAAG AATTTCACTA TCATAAACTT TTAGGAATGG	8280
	GTAGTAAATA ATAATATCTA CAACAATCAA AGTAATAGCT AGTACGAATG ACCATAAACC	8340
	AAAACCTGTA CCCATGATAA TGCCCAATGG ACCTGGTGTG GTCCAAGGTA AATTCACACT	8400
35	AAACTATTC ATTCCTAACA CTTCAACGAA AAGTTTGAAA ATCCATACGT TAACAATTGG	8460
	TGCTAATACA AATGGAATAA AGAACACAGG ATTCAATACT AGTGGTGCAC CAAATAAAAT	8520
40	TGGTTCGTTT ACACCAAAGA ATGTTGGTAC AACTGATGCA CGTCCAATCG CTTTGTTCG	8580
	TTTAGATTTT GTCATCCACA TAAACATGAA CGGGACGACC AATGTTGCAC CCGTACCTCC	8640
	AAATGTAACG ATAAACATTT GTGTACCTGA TGTAATAATT TTATCTGCGT GTTCTCCAGC	8700
45	TTGAAGCAAC TTGAAGTTCG CTTTCGATATT CGCATATGTA ATGGCTGCAA TTGCTGGCTC	8760
	TACAATTGAC GGACCATGAA TACCTACAAA CCAGAATAAT GCAAAGGCAC CAAAGATAAT	8820
	TGTGACACCA ATCCATCCAT CTGCTGCTGT AAATAATGGT TCGAATAATT TTAAAATACC	8880
50	TTCCGCTACA TTTGATTTAA AGCTGTTGCG AATGACTAAA TCTAATGCAT AAAGAATGAT	8940
	GATTACCGCT GAAAATGGAA TTAAGTCCTT AAATACTTGT GAAATATTCG GCGGTACTTC	9000

55

	AAATGCTGAT AAGAATGCTG TTAATAAACC TTTAGTTCCC ATAAATGCAC TTAAGAATCC	9120
	ACCATCTTTG GCTGGATCAG AAGCTAAGAA CAAGAATCCA CACATCGCTG CTAGCATTGT	9180
5	AGAAATAAAG TTAATTTGAT TTGTACTTTC TAGCTTACGG TTAAATGAAT CTGTTAAAGA	9240
	TTTCGCTGTC GTTCCTGCTA CTAAAAATGC TACAAGCCCC ATCGTATAGT TATATGGTTT	9300
	CATTAAAATG GCTTCCATGC CTTTATCCCA TTAAAAACCA AATATATTTG GCACATATGC	9360
10	AATTAATAGA AAGATACTTG AGAATAAGAT GACAGGCATT GCAGAAATAA ATCCATCACG	9420
	GATGGCTCTT AAATATATGT TACGTGATAA TTTCTCGAAA AATGGCTTCC CTTTTTCAAT	9480
	TTGTGCGATC AATTTTGTCA TCATTGTCAT CACCCTCTTT TATAAAATTC TAATAAATGC	9540
15	TTCAATTAAAT CTTTCAGTAA AATTGTTGTC ATTAAATGAT CTGACCATG CATCATCGTT	9600
	ACACTGTATG CAATATCATC ACCTTGCGCT TCTTTAGCCA ACAGGCTTGT TTGTGCTCTA	9660
	TGCGCTTCCG CAATGCAATT GTTTCCTTCT TCAATCAGTG CATCTGCTTT TGCAAAATCT	9720
20	CCAGCTTGAG CTGCTGTTAA TGCTTCTAAA AACTTAGAAC GTGCATCCCC TGCAAATGCA	9780
	ACAATTTCAA AACCTAATAA TTGGACTTCT TCTCTATTCA TAGCATTAAT CCCCTTTTAA	9840
	ACTTATTTTC TTTGTTTCCA AGATGTCGCA GTATCTTTTA AACTTTTATT TAAGTCATCA	9900
25	ATATTTTGA AACCAGTTGT ACGTAACCAT TCACGAGCAG CATCTTCACC TTGTTCAATG	9960
	TATACTTGAA CAGCACCAGA CCATGTAGCA CGGCCACAAA GTACCCCGTT GAATTTAGCA	10020
30	CCAGCTTCGT GAGCAAATTT TAAAGTTTCT TGGAATAATT CCGCAGAAAC ACCAGCACTT	10080
	AAGTAAATGT ATGGTAAATG AGTTGCTGCA TCTTGATCTT TAAAGTGTTG TGCCGCTTCC	10140
	TCTTTTGTAT AAACCACTTC ACCTTCAGCA AAGCCTTCTA CATATTTTCA GTTTACTGGT	10200
35	ACTTCAACTT TCAATACATC AACGTAAAG CGTGGTTCTG AGAATAATTT CATTGCTTCG	10260
	TTAACCTTTC TAGGCTTAAC TTTTGCGAAT TcAACAcTAC CGTTATcAGG AATGTTGTCA	10320
	TCGTATGTTA ATACTTCTAA AAAGAATGGA ATATCTTCTG CAACACATTC TGAACCGATT	10380
40	CTTTCAATGT ATGCTTTCTT TTGAATGTTA ATTTCTTCAG CATCATCAAC ATCATAGTAA	10440
	AGTAAGAATT TAACAGCATT TGCGCCTTGT TCTTTTAAAC GTTTTGCAGA CCACTCTACT	10500
	AAACAGTCAG GTAAACGACC TTTAGCGTTT ACGTCATATC CAGTTTTTTC ATAAGCAAGT	10560
45	AATAATCCAC AATCTTTGTT ACGTGCATCT GAAGCTGGTA AACCATATTC AGGATCTAAT	10620
	AAAATTGAAG ATGCATATTG TGTTAATTCT TCCGCAACTA AACTTTTTAA TTGTTCAATT	10680
50	TGAGCTACAG TTGGTTCTTC AGTTTGATGT TTTGCCATCA TCGTTTTTAA AGCACCACGT	10740
	TGGTCAAATG CTAATGCAGA AATGATACCT TCGTTGTTAC TTAATTGTTC AATTGATGCG	10800

55



	TCATCATAAT TATTTAAATT GACATAACCT GTTGTGCTT CTTGTGCATT CAGCATGCCT	10920
	AAAGTATTGG CTTTTTTTAG TAAATCGTGG TCGTTTTCAT GATTAAGAAT TGCTGAAGTA	10980
5	ATTCCAGCAA CTGTAGAATC ACCTGAACCA ACCGGATTTA ATACACTTAT TGTCGGAATA	11040
	TTCACTCTAT AGAATGTATG ATTGTGCTTA GCGAATGCAC CTTGTGCACC TAAAGACACA	11100
	ATAATCCACT CAATCCCTTC GAATAAGGGT TGTGACACTG CCTGTTTCAA ACTTTCTAAA	11160
10	CTTTCATCAA GTGGCTGGTT AAGCAATTGA TATAGTTCAG AAATGTTTGG TTTAATGACT	11220
	GTAGGTTTGT ATGGATTTTC CAAAACTGTT TGCAAAGTtG CACCCGAGCA ATCTAATATC	11280
	ACAGGCACAC CTTTGTTTTG GCATCGTTCA ATGATTTGTG CATAATAATC TTGATTTAAT	11340
15	CCTTTAGGTA AGCTACCTGA AATAGCAACT GCTTCAACTT TTTCTAATAA TTGTTCAAAA	11400
	TGTTTAATAA ATCCTGCAGC CTCTTGATTA TCAATCTCCG GTCCCTGCTC TAAAATTTCT	11460
20	GTTTGTGCCC CTTTCATGTAA AATTGCAATG CAGTTTCGTG TTTACCCTT AATGTTATAA	11520
	AATGCATGCT TGATGTCGGC ATGATCTAAT TTTTtagCAA TAAATTGACC TAATTCACCG	11580
	CCAATAAAAC CACTCGCAAG GACTGGCTCA CCTACTTGCG CAAGTACTCT TGTTACATTT	11640
25	AAACCTTTAC CACCAGCTGT TTTACTTACT TCTTGAACAC GATTAACATC ATCTAATTTT	11700
	AATGCTGTTA ATGGGTATGA AATATCAACG GATGGATTTA ATGTTAAAGT TAAAATCATA	11760
	TGTGTCGTCC CTTAATCGTG GTATTGCGCT CTGTCCCATT TTTCTAAGAA TTCATCAAAG	11820
30	AAATGTGGAT CAGCTTGATC TGCATTGCTT GTTTCTAAAT GTTTAATTTT AGCGATTAAAT	11880
	TTTTTGTCT CTTCAGTTGG TTTATATTCA GCATTAATAA ATGCATCGAT AATATCGCAC	11940
	ATTAATAACT CACCTATAAT ACGTCCACCG AAGCCAATAA CGTTCGCATT TAATCTTCT	12000
35	TTAGCGTATA ACGCTGATGT CATATCACGT ACTAGTGCTG AACGAACGCC AGGTACTTTA	12060
	TTTACAGCAT TGTTAATACC AACACCTGTT CCACAAATAC AAACACCTAA GTCTGCATTA	12120
	CCGCTAACAA CTTGTTGCGC AACTTTTTTA CCAAAAATTG GATAATGTGT TCTTGTGAAA	12180
40	TCGTATGTTT CTACGTCAAT GACTTCATGT CCTTTTGATT TAAAAATTC AGATACACGC	12240
	ATTTTTGTAT CTGTAACAAT ATGGTCGCAT CCTAATGCAA TCTTCATAGT AATTTTTCCT	12300
45	CCTTAGCACA TTTTATTAAG CATATCTACG CGGATTGGT GTCTACCACC ATCGTATTTA	12360
	CCTTCAACAA AACCTTTAAC GACATTTTTT GCTAATGTGT CTCCAACAAT TTCAGATCCC	12420
	ATAGTGATCA TTCTTGAATT GTTATGGCCT CTAGTCATAT ATCCAGAGCG TTCATCTGAT	12480
50	ACTTCAGCAG CAATCATGCC TTTGATTTTT GTAGCAACCA TAAAGCTACC TGCACCAAAT	12540
	GCATCGATAA CAATACCTAA GTTACCTTCT TGACTTTGAA CATCTTTTGC TACAGCCAAA	12600

55

TCTAATAAGT ATGATTTGAT GACTTCTTTT AATCGTTTGC CAGCTTCATC TGAACCAATA 12720  
 ATAATCGCCA TAATAAGACT CCTTTTACT TTAATTTTGA AATACCTTTC TTAAAATGTG 12780  
 5 ACATATTTAT TTGTAGGTTA TGAAAATCTT GAGAAAAGGC TTTCAATTTG ATTACGTTTA 12840  
 AATTATAAAC ATAAACAAAC AATAAATCAA CATAATATGT TTATAATATG TTTGTTTATG 12900  
 ACGTATTTTC AAACAATAAG TGAACATTCA TATTGTGGTG TTGTTTAAAT TAGGTATTTCG 12960  
 10 TCTGAAATTG TAGTAAACT TTGTCGAGGT TCCCGTTGac ATAAATTTGC ATAAAAAAtA 13020  
 GCCCATAAAT GAATGCAAAT TCACATTCAC TTATGAGCAT ATAGATACAT ATTTTAACAA 13080  
 TGCAGTTATA CTTTAAATTT AGTCGACTAC TTCAATATAT GTTTTAAATCG TTTCTACTTT 13140  
 15 TTCTTCATCT TCATAGTCCA TGACCACTGC AGTCAATTCG TTTAACTGAC AAAATGATGT 13200  
 AAAATCTTCT TTGCCAACTT TCGTATGATC GATTAACAAG TATTTTCAA TTGAATTACT 13260  
 TAGTGCCAGT TGTTGCGTAT AGGCTTCATC TAATGTAGAT GTCATCACAG CACCTTTATT 13320  
 20 TACTGCGTTA CTACTAAAGA ACATCTTGCT AAATCTTAGT TTTTCCAACA TGGCGTTCGC 13380  
 cATTTACCTT ACAAATGCTT CTGTAATATG GCGCATTTC AACCACCAATTA AATAGACACG 13440  
 25 AAAATGTGCT GTTTGTTTTT CTAACAAAAT TTTATACACC GGCAAACAAT TCGTAATAAT 13500  
 TGTGAGCGTA TGATGATTGA CTTCTTCTGC TAATAGTTCC ACTGTTGTTT CTGGTCCGAA 13560  
 AAACAAAGTA TCCCATCTT CAATTAATGA TGCAGCTTTT TTAGCTATAA ATCGTTTTTC 13620  
 30 TGCAATTTGA CGGGTATGTT TTTCTTTATG CGATATTTCT TTATACTGAA ATGTTGAATT 13680  
 ACTGCGTGCA CCACCATGAA TCTTCGTTAA AATCCCTTTA TTTTCCAATT CAATTAAATC 13740  
 TCTTCGAACT GTCATATCAG ACACATTTAA ACCTTCGACG ATTTCAATTCG TTCTTATCGT 13800  
 35 GCCCTTTTTA TTCACTAGTT TAGCAATTTT GTCCAAACGT TCATGTTTAT TCAATGTAAA 13860  
 ATTGCTTC 13868

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 174:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4549 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 174:

50 TTAAGTCAAC TTTGTCTATA CGGTTTGGAT CtTCTaCCCA ATGTCTTATA AAAGACAATC 60  
 CCGCACCTGA AACATAACTC ATGAAATAAG AAAATGGTAT ACCATTAATT TGATCATTTT 120

	AATCTTTACC CATAAGAAAC ATCAATTGAT AAAATGCGAT GTCTTTTTCT ATCATTCTA	240
	TTAAAACGGT CATAATTGA TGTATGTTAT CCGTGGATAA CTTAACTGCT CCATTAACT	300
5	TCTCATCATG AATGAAGTCT CTTATTTCT CCAACTGCTG GTCCTCTAAT TTTTCAAGCA	360
	AATCATACTT ATCATAATAA TGCGTATAAA ATGTACTACG GTTAACATCA GCTAAATCTG	420
	CAATTTGTTG CACAGTAATC TCTTCTAATT GGTGTTGATG TAAAAGTTCA ATAAATGCAT	480
10	TTCTCATGTC AACTTGTGAT TTTCTAATAC GTCGATCTAT AGTCATTTAT ATCAAGTCCT	540
	CCCCAATGAT TATAAACGTT ATGTTTCTTA TCCCACAAAT CTCCAACATT GATGATTGGC	600
	ACACAATGTT TACCTGTTTA ATATAGGTGA TACAAACAAA CAGAAAAAGG TGATAACAAT	660
15	GAACCAACAT TTACTAGGAA ATCCAAAATT AACTGTAACT CATGTCAATG AAGTTAAAGC	720
	CGGTATTAAC CACATCGTTG TCGACAGTGT TCAATATGGA AATCAAGAAA TGATTATGGA	780
20	AAAAGATGTC ACTGTGGAAT TGCGCGATGG CGAAAAATTA TATATTAATA TTTTCAGACC	840
	AAATAAAGAT GGCAAATTCC CTGTAGTTAT GTCTGCAGAT ACTTACGGTA AAGATAATAA	900
	GCCTAAAATC ACAAATATGG GTGCCCTTTG GCCAACATTA GGTACCATTC CGACATCTAG	960
25	TTTTACACCT GAAGAATCAC CAGACCCAGG ATTTTGGGTG CCAAATGATT ATGTTGTAGT	1020
	TAAAGTTGCA TTACGCGGTA GTGACAAATC CAAAGGCGTC TTATCTCCAT GGTCAAAAAG	1080
	AGAAGCGGAA GATTATTACG ATGTGATTGAA TGGGCAGCAA ATCAGTCATG GAGTAATGGA	1140
30	AATATCGGGA CAAATGGTGT TTCTTATCTT GCGGTGACTC AATGGTGGGT CGCATCATT	1200
	AATCCACCAC ATTTAAAAGC AATGATTCTT TGGGAAGGCT TAAATGATAT GTATAGAGAA	1260
	GTAGCCTTTC ACGGAGGTAT MCCAGATACT GGCTTTTATC GTTTCTGGAC TCAAGGTATT	1320
35	TTTGCGAGAT GGACAGATAA TCCAAATATC GAAGATTGTA TTCAAGCACA ACAAGAACAT	1380
	CCTCTGTTTC ATGATTTTTG GAAACAGCGT CAAGTGCCAT TATCACAAT TAAAACACCT	1440
40	CTACTAACAT GTGCTAGTTG GTCTACACAA GGTTCGACA ACCGTGGCTC TTTTGAAGGA	1500
	TTTAAACAAG CTGCATCTGA AGAAAAATGG CTATATGTGC ATGGACGTAA AGAGTGGGAA	1560
	AGTTACTACG CTAGAGAAAA TCTCGAACGC CAAAATCAT TCTTTGATTT TTACCTTAAA	1620
45	GAAGAAAATA ACGATTGGAA AGATACGCCT CATGTCATTT ATGAAGTTAG AGATCAATTT	1680
	TATAAAGGCG AATTCAAATC AGCGTCACGT GTCCCTTTAC CTAACGCAGA ATATACACCA	1740
	TTGTATTTGA ATGCTGAAAA TCACACATTG AATCATGCAA AGATTAGTAG CGCGCATGTC	1800
50	GCACAATATG ACTCTGAAGA TAAACAACAA GATGTAAGTT TAAATATAC GTTTGACAAA	1860
	GATACTGAGT TAGTTGGAAA CATGAACTTA AACTATGGG TAAGCACTAA AGACTCAGAT	1920

55

	CCTGATTTTA ATCATATTGA AAATGGTCAA GTAGCTACTG GTTGGTTACG CGTATCACAT	2040
	CGTGAATTAG ATCAAGAAAA ATCCTCAATC GCGCAACCTT GGCATAAACA TGAAACAGAA	2100
5	TTAAAGTTGT CACAAGATGA GATTGTACCT GTTGAAATCG AATTGTTACC TTCAGGCACG	2160
	CTATTTAAAC AAGGCGAAAC ATTGGAAGTT GTTGTAAGG GTAGTGAAAT TGTAATTGGT	2220
	AATAGTACTC CTGGCATGAA AACACGTTAT GAACATGAAG AAACCGTAAA TAAAGGCATG	2280
10	CACATGATTT ATACTGGTGG TAAATATGAT TCACAATTAA TCATTCCTAT CGTTAATTGA	2340
	TATGCAGCAA TTACGGTCGC TTTTGATTAA AAGTGACATA GTGATAGGAC TGTATAACAA	2400
	GAGAAAGCCA CACGCTTGA ATCTTAAACC AAGGTGTGGC CCTTTTTATT ATTGATGGCT	2460
15	ATTTAATTTT ATAACACTAT CGTATTTTCT TTTTCATGAA TCATTTCAT AATGACATTA	2520
	TCTTCATTCA TTACTGCTAC TTTAGGTGCA TGGTTTTTAA TTTCTTCTTC ATTCAACTGT	2580
	GCATAAGTCA TGATTATGAC TACATCGCCT ACTTCAACAA GTCTTGACGC TGCACCGTTT	2640
20	AAACAAATTT TACCACTACC TCTTTCACCA GCTATTACGT ATGTTTCAAA ACGTGCACCA	2700
	TTATTATTAT TCACGATGGC TACTTTTTCA TTTGGCAAGA TGTCTACCGC TTCCAATATA	2760
	TCTGAATCAA TCGTAATGCT ACCTACATAA TTTAAATTG ACTCAGTCAC TCTTGCTCTA	2820
25	TGAATTTTAG CATTTCATCAT TGTTCTTATC ACTTTATTCA GCTCCAATTA TTATATTATC	2880
	TATTAAACGC GCTTTTGAAA ATTTAACAGC TAACGAGATA AATATGCGTC CAGTTATTTT	2940
	GTGTTGTTCT ACTAATTGAG GATAACTATA AACAGCAACT TCTTCAATGC GTTCACTTAT	3000
30	ATGTGATTCA AGATATTCAG TAACCCTGTC TATAATTACT TTACTTTGAC GTTCACCGTC	3060
	TTGATACAAC GCTTGTGCTA ATAGCAAAC TTTACTTAAA TGTACCGCTT CTTGTCGTTC	3120
35	TTGCTCCGTT AAATAAACAT TTCTTGAAC TTTGCGCAA CCATCTGCTT CTCGAACGAT	3180
	ATCAATACCA ATAATTTCAA CGGCATGATT GAAGTCTTTT ACCmTTTGCT CGaCAATAGC	3240
	CAATTGCTGG GCATCTTTTT TACCAAAATA AGCATAATCC GGCATAACAA TATTAAATAG	3300
40	CTTATTAACT ACTGTTACCA CCCCATCAA ATGCCCTGGr CCGtTCGCTC CTTCTAACAC	3360
	ATCAGCTAAT GGGCCTACTT TGACATCAAT ACCTAATTCA CCTGGATACA TATCTTCTAC	3420
	TGCAGGATGA AAAACAATGT CCGCTCCTAC TTCTGATACT AATTCTAAAT CTTTATCAAT	3480
45	TTGTCTCGGA TAAGCATCGA AATCTTCGTT TGGACCAAAT TGTAATGGAT TAACAAATAC	3540
	ACTCACAATT GTAATATCAT TTGTACTAAC TGATTCGCGT ACCATCGTTA AATGTCCATC	3600
50	ATGTAAGGCA CCCATTGTTG GGATAAAACC AATCGTTGTG CCTGAGCGTT TGGCTGCTTT	3660
	AACAATGTGT TGCATCTCTT TTACCGTAGT AATCAGCTTA GTCATTGTTA TTAACCTCAT	3720

55

GATCGTATTG TTTTAAACCA TCCACACCAA CACTAAAATC AGCAAATTGC TTCACAAATT 3840  
 TCGCTTTATG TTCAACACCA TAATTTAACA TATCGTGATA AACCAATACT TGACCATCTG 3900  
 5 TACCTTTTCC TGCACCAATA CCAATGACTG GAATTGTAA GTGCTTGCTA ATTTCTTCTG 3960  
 CTAAATCATT TGAATTGCT TCAAGTACTA ACGCAACTGC ACCAGCTTGT TCTACATTTT 4020  
 TCGCGTCTAA AATAAGTTGc TCCGCTGCTT CTTTCGTTGC ACCTTGTAAT TTATACCCCA 4080  
 10 TAACGCCAAC ACTTTGAGGT GTTAATCCTA AATGTGCAAC AACAGGAATA CCAATTGCCG 4140  
 TTGCTTTTTTC AATAAATGGT GTAATATGCG CTCCTTCTGC TTTAATTGCA TTTGCATTCTG 4200  
 TCTCCTGATA AAGCTTTAGA GCATGATTTA AGTCTTGTGT CATAGAGATG CCTACTGCAC 4260  
 15 CAATCGGCAT ATCAACAACT ACAAATGTAT TTGGTGCGCC TCTTCTTACT GCACGACCGT 4320  
 GATGAATCAT ATCTGCTAAC GTCACCTGTA CGGTACTTTC ATAACCTAAT ACAGTCATAC 4380  
 20 CAAGTGAATC CCCAACAAGA ATCATATCAA TACCCGCTGC TTCCACTTGT TTAGCACTTG 4440  
 GAAAATCATA AGCTGTTACC ATAGAAATTT TAGTTTGCTT TTGTTTCATA TCTATTAATT 4500  
 GACTTACTGT TTTCAATGTT ATTCAACCTC TTTTTCAGT ATnATTAGA 4549

25 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 175:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 8339 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - 30 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 175:

35 TTATCTTTTG TTGTTTCCTT AGACAAACGA CTAACCACAT TATAATGGAC TAATTTATTA 60  
 ATTTTATTTA ATTCCATTAA GTTATCCGTA AACTAAGTG AAGATGCGGA GTTCACTCTC 120  
 GTTTGTACTC TTCGTTTTAA TAAAGCACCT CGTAATAATA CAATCATTCT TCTTATTAAT 180  
 40 GATGCTTGTC TATATACCTG TGTTCTTTCA GCATAACGCA TATAGTTTTT AAGTACACTA 240  
 TTCGTTATTT GTCCTTCATC TACTAAAGAC TCTAATGTTT TkGTTTCTAC ATTAAAAGCA 300  
 45 ATTTTTTGTA GACGTTCTAA TTCTTTAGAG TTTTCATCAT CTTTCTCTAC AGTTTTTAAA 360  
 AATGCTAATT TATCATGATA TTCTTTAATC ACGTTACCAT ATTTAAACT TGTTTCGAAA 420  
 GTAGATTTTT GATTAGATA ATCAATAACT TGTTCTAATA TATAAATTCT AGCAACTTTA 480  
 50 AACGACATAT TGCCAATTAC TGTTTTAGGT GCAGGTTTCG TTAATAATGG CAATAATACT 540  
 TGCGCAACTA CCAAATAAT AATAACCATA CCAGATGCAA TAAATAATAA GTCGTTTCTA 600

55



	ATTGTTCCAT GCACACCACA TAACGTCATA ATTAAAGCGT ATAAACTTCG CTTTGGTGGT	720
	TTCTCAGTCG TTGGATTATC ATCATCATT TTAGTCATCA TTTTGGAA TGGACTGATG	780
5	GCTAAATAAA AATAAGGATA TAAGACATAA ACCCAAACAA ATCTAAATAG ATAGACAGCT	840
	AAAGCAACAA CAATAGTGAT GCCTATTAAA AAGATTAAAT TGTGCGGTTT TGTTTTGATA	900
	ATTTTAATAA TAACTTCAGG TACTAAAAAT CCTAATATTG AAAAAACAAA GCCATTTAAA	960
10	ACATAACCTA GTATATTCCA TGTATGATTG TAACTCATTT GCAGTTGTGT ACGTACTTGC	1020
	ATAATTCTGT CACGTTTCGAA ACCATGTACA AGTCCTGCAA CTACTGCTGC AATGATTCCT	1080
	GATGCGTGaA ACAATTCAGC AATTAAATAC GTAACAAATG GTGTTAACAA TTGAATAATT	1140
15	GTAAACATAT TAATGTTTTT ATATCCTCGA CGCATCAATG TTAATCGGAA CCTTACTAAT	1200
	GCCATACCTA TAAGTAAACC AACCCTGCG CCACCAATTG ATGCAATTAA AAACAACCTGA	1260
20	ACAGCATCAA CAAGTGAAAA AGCACCTGTA ACTAATACTC CAACAGCTAT TTTAAATGAA	1320
	ATAATACCAG CAGCATCATT CAATAATGAC TCACCTTCAA GAATTGTCAT TGCTCCTTTT	1380
	GGCAAGACCT TTCCTTTAGT GATTGCTTGC ACTGCTACTG CATCAGTAGG ACAAAGAATG	1440
25	GCAGCAATTG CAAATGCTGC TCCAATAGGT AAATCTGGCC AAATCCAATG AATAAATAAA	1500
	CCTACACCTA TCACAGTAGT AATGACTAAT CCTAATGCCA TCATCATCAC TGGCTTAATA	1560
	TATTCCTTA AATGGACTCT AGAAACATTA ACACCTTCTA CAAATAACAA AGGCGCAATC	1620
30	ATTGTTACCA TAAACAATTC AGAATCAAAA TTAAATTGAA CAGGGATTGG GGTAATAAAT	1680
	AGTAACATGC CCAAGAAAAT TTGTATAAAT GCTAGGGGTA CTTTAGGTAT GAAAGTATGG	1740
	ACAAACGAAC TTAGTATCAC AACAGCTATA AATATAAGAA TTGTTTCAAA TATTTCCAAA	1800
35	CTTTCACCTC TCTAAAAAGT ATTGTTTAAT TGAAAATTAA GTATCACATC TCGTTGTAAT	1860
	TATACTTTAG AGGATAAATT GAGTTAGCGA CCACAAAAGC ACTTTAATAT AGATATATGT	1920
	CTACGATTGC AGTACTTAAA TTTGCAATTA TTTAATTTTA TTTTATCACT AATTGTTTGT	1980
40	ATAAATAAAC AACTTGCTTT CACATAACAA CATTAACTTA TAATACAAA AATGAGCACC	2040
	TTAAATCGA CTAACCAATT TCaAAGTACT CTTTTAATGA TTAATTTTGA AAACAGATTT	2100
45	TCaAAAGCAT TGTTATGCTT AACAAATTTAG CCAACACTTC AATCGTTTTG ATACCATTTT	2160
	TTACGATGCT CTTCTCGTTT TTCAGCACGT AATTGTAATG CTTCTGTAGA GTTTTGTTCA	2220
	TTTGAACCTA ATAATATTGA TGCATGTGTG TGAGCATCAT TTTTTCGATA CATATAAGCG	2280
50	CCGTTGCGAT AAGCAGCGCG AGCGACTAAG TGCATGCCGA CTGGTGAAGT TAAATTAATA	2340
	AAAACAAGTG ACAGTAATAA ACGCACACTG AAAAATCCTG TATTCACAAT AAAATAAATT	2400

55

	CTTAAGAAAA CATCTTGGA TTTACGATA CCTATTGCAC TAATAAGAGC AATAAAACTA	2520
	CCTAACAACA ACATCACAGC AGCAATAAGA CTAAAGATTT CTTTTGTTAT TTCCATTAAA	2580
5	CACATGCCCC CCACCAATAA AGCGTGATAT TGAAACAGAA CTTACAAAAG ATATAATGGC	2640
	AATGAGCATG ATTGAATCTA AGAAAGAAAC GGTGCCCATA AGTACACTTA ACACACCCAC	2700
	AATTGACATT ACGACAGCAC TTGTTGTATC AAATGTAACG ACACGATCTG CTGTTGTAGG	2760
10	TCCCTTGATT AATCTAAATA AACAGATGAT TAATGCAATT CCAAAAATAA TGAGTGAAC	2820
	AATAATCATA ATATGTGTTA TTGTTTGTAT CATCGCGACA CCTCCAATAT TAAGTCTTCA	2880
	TAATGCTTAA TACTTCTTAA CAACTATCT TTTTCTTTTT CTGACACGTC GATACTATGA	2940
15	ATAAAAACT TTTTAGAGTC TTGAGAAATT CGTATTACTG TAGACCCTGG AGTTATAATA	3000
	ATTAAATTG TTAAAAATGT TATTGACCAA TCACTTGTTA GTCTTGTTTC ATATGAAAGT	3060
20	AATCCAGGGT TCATATCTTT TGTTTTAAAA AGAATATAAT TAATCGTGCT AATGCTAGAT	3120
	GTTATTAATT GATATAAATA AACACCTAAA AATTTAATAG CTACCCATAT TTTTCTAACA	3180
	TAAAAATCAT CGCTGAAAAA CCTGTGTAAT ATATAAATGA CAATTAAACC AATTAGATAT	3240
25	CCAGAAAAGA AAGTCGAGAA TTAAAAATGA TCTTCATCTT GAAATAATAC CCATAAGAAT	3300
	GCAATGATAA TATTTAAAAC TATTTGATTC ATTTAGTCCT CTCCTTTCAA ATGCGGATTT	3360
	ACAAGTTTTT GATATAATTG ATCACTCGTG TTCAACTCAG TTGCATCACT TGTAACATTT	3420
30	AACACAACAG GTGCAGCAAT TCCGATTGCG ATAACCACAA CTACTAAAAT ACTTAAAATT	3480
	CTTTTTTCGAT ATAGCGGGAT TTTCTTAAAA TTAACCTCCT CCCCATCTTT ATCTCCAAAA	3540
	TACATATAAA AAAGTATCCT AAATAAACTG TACATTGCAA TTAGACTAGT AATAATCATT	3600
35	AACGCTAGTC CAATATAATT GCCATTTTGC AATGCACCTT GGAAAATAAG TACTTTCCCC	3660
	GGAAAGCCAC TAAATGGAGG CACGCCGCCA ATAGCAAAAA TCATTATAAT AAACGCAACT	3720
	CCAAATAAAG GTTCTTTTTT AGCTAAGCCA TTCAAATATT GATATTGTCG ATAGCCTGTA	3780
40	ATGTAAACTA AACTACCAAT AATAAAAAAT AGCAATGTTT TTACAACAAT GTCATTTACC	3840
	AAATAAAATA TTGCACCATT AATACCTGCA AACGTGTTTG TTCCTAAACC TAAAATGATA	3900
45	AATCCTATTG AGATTATGAC TTGGTAAGCT GCAATCTTTT TAATATCTTT ATAAGCAATG	3960
	ACACCTATAG CGCCGATGAC CATAGTTATA GCAGCCATAG TTGCTAGCAA TGGATGTATG	4020
	AGATCATTAT GTTGATCAAA TAGTAAAGTG AAGAATCGAA TTAATGCATA GGCCCCTACT	4080
50	TTGGTCATTA ACGCTGCAAA TAATGCTGCA AGCTCAGTAT TTAACACAGC GTAGGCTTTG	4140
	GGTAGCCACA TAAAAGGAC CAGCGCTGCT TTCGCACTAA ATGCGACTAA GAAGATTAAT	4200

55

	AAGTTTAATG TACCTACTGT TTTATAAAGT AAACCTATAC CTAATAAGAA TAGCCATGAA	4320
	CCAATAATAT TCAAGACAAC ATAAATAATT GCAGCACGTA ATTGTTCTAC AGATTGTCCA	4380
5	AGTGTAATGA GTACAAATGA CGCTAGTAAC ATAATTTCAA ACATGACGTA TAAATTAAAT	4440
	AAATCTGATG TTAGAAAAGA GCCTATCACG CCAACACTTA AAAATAATAT GAACGATGGC	4500
	AAGTGATAAC GATTTGCTTT ATGTTGCGCA CGCCCAAATC CGTATGCCAT AATTAAAGTA	4560
10	ATCACAAACG AAGCGGTTGT AACCATAATT AAACCTAAAG AATCTCCTAA AAACGTGATA	4620
	CCAAAGGGCG CTGACCATCC TCCAAAGTCT AGCGTAATTG GACGGTGACG CTGAACATAA	4680
	ATTAATAGCA TTAATGAAAT AATTGTGGTG ATAGTCATTG TACCTAAGTA TAAATATTTA	4740
15	GAAATACGAT CATTATTTTT TAAAAATACA AGGATTAAGG CACAAAGGAA TGGTAATAAC	4800
	ATTGGTAAAA TCAATAAGTT ACTTAGCATC ATCTTCCCCC CTTAGGCCTT CAATTTCAFC	4860
	TTCTTTTGTT ACTTTATAAG TTCTATAAAC AAGTACAAGT AAAAACGCAG TCATCCCAA	4920
20	CCCTATAACT ATTGCAGTTA GTACAATAGC TTGTAACAAG GGATCAACAA ACAATTGGTT	4980
	TCCACCAGTT ATTAGTGGTT CTGATCTACT AGAACCATAC GTTCCCATAC TCATAATAAT	5040
	GAGATTACCA GCATGAGTAT ATATTGAAAT TCCGATTACA ATACGAATTA AATTGATTGA	5100
25	TAAATCATA TATGTTCTTA TAAACACTAA AAATCCTATA ACTAGTAATA ATATTAAATT	5160
	CATGATCGAC CTCCGCTAAG CGACAACATC ACTGTGACAA TAACACCAAC AACTGAGAAT	5220
30	AAAATACCTA ATTCAAAAAG TGTTATTGTA CTTACATGAA TTTGTCCTAA AATTGGAAGT	5280
	ATCCAAGTTG TTTCATATTG AGACAAAAT GGTTTTCCAA AAAACATAGG TATTATCGCA	5340
	GTAATAGATG ATACCAATGC TCCAATAATC ATTAAAATTC TAAATCAAT CGGTAAACTT	5400
35	TCTAAAACCT CTTCAACATT AAAAGCCAGA AACATTAAAA TAAACGCTGA ACTAAATATT	5460
	AAACACCAA TAAACCCACC ACCAGGATTA TTATGACCTG CGAAGAAGAC ATAGAATCCG	5520
	AAAGTCAATA AAATAAATAC AACAGTTTC GTGACCGTTC TTAACACGAC ATCATTCTCT	5580
40	TTCATCTTGT CCCCTCCGAT CTTGATAATT TAATAATGtg TAAATACCTA GCCCAGTAAT	5640
	AATTAACACT AATCCTTCAA ATAATGTATC TAATGCTCTA AAGTCACCAA GTATCGCATT	5700
	TACAATATTT TTACCACCTG TTAGTTTGTC AGCTTTTAAA TAAAGTCTG ATATTGATGA	5760
45	TAAACCATCT GTTTGTGTG TAATAAAAAT TAATGATACA ACAATAAGTG CCATCAAGAG	5820
	TGATACAGAA ATTTTAATTA TTTCTCTTTT TTTGTTAGCG TTAGATCTTG GCACGTTTGG	5880
50	TAATCTTGAA AAACGTGACAA TAAATAGTAT CGTCGTTATT GTTTCACCTA CTAGCTGAGT	5940
	CAATGCTAGA TCAGGGGCTT TCATTGCTAT AAAGAATAAG GTCACAACAA ATCCGATGAC	6000

55

	GACAGTTACG ATTGCTAATA TAATTTCTAA TGCCCCAAAT TCAGAAACAT GTAAGTATG	6120
	TACTTTAGGA AGTCCaATTC GAATATAACC ATATCCAATG ATAATCATAA ATATGCCTAA	6180
5	GGTCATAATA ATGTACTGGT TTAAACGATC TTGCATAACA CGTTTAAATC GCTTCGTAGC	6240
	AAACTTTTCA AAATGTGCGAT ATACCATCTC ATAGCTTTTT GAAACTGAAA TCTGTCTAAT	6300
	TTTACCTGTG AACACTTTTT TCCAATCTAC TTTGATTGCT AGTACACTAC CCAATAAAAT	6360
10	AATGATGATG GTTAAAAGAA GCGGTATGTT AAATCCATGC CATTGCGAAA CATGTGGTGC	6420
	CAATTGATCA ATTTGATGAT TACCACCTGA TACAGCTCTT AATGChAGAA CGATAATCCC	6480
	CTTCCCAAAT ATATnTGGA CAAAAAGAT TACAGGTACT AGCACCATTA aTATAAGAGA	6540
15	TGGTAAACTA aACAACCATG GTTCGTGGAT ATTTTTTTTA GTAAAAACCT TAGAATCATA	6600
	TTTTGtCCAA AATACTTCTT TTACCATGTA TAGTGCATAT GTGAATGTAA AAACACTCGC	6660
20	AATAACACCA ACAAACACGA TAGCTATCAT TGAAATCAAA CTAAATTGGG ATAATTGTCC	6720
	AGTTTGTGTT AATGCATCTA AAAACATTTT TTTACTTAAA AATCCATTTA AAAATGGTAC	6780
	TCCAGCCATA GATAGAGCCG CTATCGTCAT GACTAGATTC ATTTTAGGAA ATAGTTGACG	6840
25	CATTCCACTT AAAATTCGTA TATCCCTTGA ACCTGCTTCA TGATCTAAAA TACCTACTCC	6900
	CATGAAAAGC GCACATTTAA AGATGGCATG ATTCATTAGa TGAAATAGcG CACCArATAA	6960
	TACmAATACA TAAATaGATG CTATTGCGTC TTGTTGGTGT TGAGCATATC CGCCACCTAT	7020
30	ACCCACCATA GCCATAATCA TCCCAAGTTG ACTGATTGTA GAGTACGCTA GGATACCTTT	7080
	TAAATCCCAT TGTTTTAAAG CTGTAATTGA ACCAAATAAC ATTGTTATTA AACCAACAAA	7140
	CGTAACGATA TATACGTACA TATTGCTAnG ACCTAATAAT GGTGTAAATC GAAGTAATAG	7200
35	AAngATACCA GCTTTTACCA TCGTGGCTGA ATGTAAATAA GCACTTACAG GTGTAGGTGC	7260
	AGCCaTTGCT CTAGGTAGCC AGTATGAAAT GGArATTGTG CTGATTTTGT AAATGCACCT	7320
	AATAAAAACA TAAAAATCAT AGGGATAAAC AATCCATGAT TCTTAATATG ATCTGCTTGT	7380
40	CCTAATATCT CTGTGATGTT ATTCGTTCCCT GTCATGATAT ACAGCATAAT AAAACCAACT	7440
	AATAACGCCA ATCCACCAAA TACTGTAATC ATAAATGATT GAATCGCACC AAATTGACTG	7500
45	TCACCATTGT TATACCAATA TGAnATCAAT AAAAATGATG ATmCACTCGT TAATTCCCAA	7560
	AAaATGTACA TCmATATCGT ATTGTCTGAT AATACaaTAC CAATCATACT GAACATAAAT	7620
	AACGTTAAAT AAAAATAAAA CCTTGGTAAA TTGTCTTTTC GAGAGGATAA ATATTGAGTT	7680
50	GCATAGAAGA ATACTGCAAT TCCAATAAGT GAAATAATAA GAGAAAACAT TAAACTTAAA	7740
	CCATCTAAAC GTAAATCTAA ATTAATATCT AATGTCTTAA TCCATGGAAT AGAGGTAGAA	7800

55

GGTGCAACCA ACGCTATGTA CCCGGCATAT TTAGCCAATG CTCTACGTTT AGACATTAGA 7920  
 AGTATCATCG CCATAATCAC AAGTATAGCA ATTAATAAAT AAACCAAACCT CATTATTAGC 7980  
 5 CTCCTTTGTT TCTATAATTG TAATGAAATA TAAATACTAT GTTCACACTC ATTTTCTAAA 8040  
 CCGATAAAAT TTAGTGTTTC AATAGCAGAT TGATGCCCTA AATACTTTTG AATGACTGGT 8100  
 ATAAGTATAC CTTTTTGATA AGCATGATAT GCAAATGTCT TACGCAATGT CGTTAGTCCT 8160  
 10 ACATTATCTA TACCAGCTTC AATTGATGCT TGGTGAATTA TTCGATATGC TTGCTGTCTA 8220  
 GATAATACTT GATTTGTTTC TAGTGATTGA AAAAGAACGT CTTCAATTCGA AAGACTCCTG 8280  
 TCCTCTATAT ATTGAAGTAG TTCTTTCGAT AATGTTTCTG GTAACCTAAT TTTAATCAA 8339  
 15

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 176:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 588 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 176:

CCCGATTTTT TTACGTAATC TAATACATAC GGCAAATCA ACTTTAATCA AAAAAGACTC 60  
 ATACACAATG CCTTTAAAGC ACATGTATGA GTCCTTTTTA GTAGTTTATA TCAAAAATA 120  
 30 GTTTAATGTA TAAATTAGTT TTTGTTTACA GATGCGTCGT AGATTGATTC TACAGCATCA 180  
 CCTAAAGCTT TATCGAATTC TTCTTTAGAT TGATCAGCTC TTAAATCACT AGCTAATGCA 240  
 CGTGAGAAAC TTGCGATAAG TTCAGCGTTA TCTTTAAGTA ATTCATTTGC TTTTCTCTG 300  
 35 CTGTAACCAC CTGATAATAC AACGACACGA ACAACATTAG GATGTTTCAGC TAACTCTTTG 360  
 TATAAGTTTG GTTCAGTAGG AATTGTTAAT TTCAACATTA CTAATTGATC AGCATTTAAG 420  
 CTATCTAAAC CTTTTTTAAG TTCAGCTTTT AATACTTTT CAATTTTCAGC TTTGTCTTTT 480  
 40 GCATTAATAT TAACTTCTGG TTCGATAATT GGAACATAAC CTTTAGCAAT AATTTGTTTA 540  
 GCAACTTCAA ATTGTTGTTC AACACGTCT TTGATACCTT GTCATTT 588

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 177:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2841 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear



	ATAGAGThCT GGnACTTACT ATGACATATG GCGCTAGAAT GGCTGAGCCA GGTGAATTTA	60
	CAAAACGTGC CTTTTTAAAT GGTCGTATTG ATTTATCTCA AGCTGAAGCA GTTATGGACT	120
5	TTATTCGCTC GAAGACAGAT AGAGCTTCTA AAGTTGCGAT GAATCAAATT GAAGGTCGTC	180
	TAAGTGACTT AATCAAAAAA CAACGTCAAT CTATATTAGA GATACTCGCT CAAGTGGAAG	240
	TGAATATTGA TTATCCTGAA TACGATGATG TTGAAGATGC GACTACTGAA TTTCTTTTAG	300
10	AGCAGTCTAA AGAAATCAAA CAGGAAATTA ATCGTTTATT AGATACCGGT GCGCAGGGTA	360
	AAATTAIGCG TGAAGGTTTA TCTACAGTTA TTGTTGGTAA ACCAAACGTA GGTAATCAT	420
	CGATGTTAAA TAATTTAATA CAAGATAATA AAGCGATTGT AACTGAGGTA GCAGGTACTA	480
15	CTAGAGATGT CTTAGAAGAG TACGTCAATG TTCGTGGCGT GCCATTAAGA TTAGTTGATA	540
	CTGCTGGTAT ACGTGAGACA GAAGATATAG TAGAGAAGAT TGGTGTGAA CGCTCTAGAA	600
	AGGCTCTTAG CCAAGCAGAC TTAATTTTAT TTGTATTAAA CAATAACGAA GCATTGACWC	660
20	AAGAAGATTA CACATTATAT GAAGTGGTTA AAAATGAAGA TGTAATCGTA ATTGTTAATA	720
	AAATGGATTT AGAGCAAAAC ATAGATATTA ATGAAGTTAA AGATATGATA GGTGATACGC	780
	CATTAATTCA AACTTCAATG TTAAAACAAG AAGGTATTGA TGaATTAGAA ATACAAATTC	840
25	gAGATTTGTT CTTTGGTGGa GAAGTACAAA ATCAAGATAT GACTTATGTT TCTAATTCAA	900
	GACATATTTT ATTATTAAAA CAAGCAAGAC AAACGATACA AGATGCGATT GATGCAGCAG	960
	AATCTGGTGT GCCTATGGaT ATGGTACAAA TTGATTTAAC TAGAACTTGG GAAATATTAG	1020
30	GAGAAATTAT TGGTGAGACT GCAAgTGATG AACTCATCGA TCAGTTATTC AGTCAATTCT	1080
	GCTTAGGTAA ATAGTAATTG AAATAGACGG AATACCGTCT TAAGAAGGCT AGTAAGATAT	1140
35	CAAATAAGGA GGTTTATATT GTGGTTCAAG AATATGATGT AATCGTTATA GGTGCGGGAC	1200
	ATGCAGGTGT AGAAGCAGGT TTAGCATCTG CAAGACGTGG TGCTAAAACA TTAATGCTAA	1260
	CAATAAATTT AGATAATATT GCATTTATGC CATGTAACCC ATCTGTAGGT GGACCAGCTA	1320
40	AAGGTATCGT TGTTTCGTGAA ATTGATGCTT TAGGTGGACA AATGGCAAAA ACAATCGATA	1380
	AAACACACAT TCAAATGAGA ATGTTAAATA CAGGTAAAGG ACCTGCTGTA AGAGCACTAA	1440
	GAGCGCAAgc AGaTAAAGTA CTTTATCAAC AAGAAATGAA ACGCGTGATT GAAGATGAAG	1500
45	AAAATTTGCA TATAATGCAA GGTATGGTAG ACGAACTTAT TATAGAAGAT AATGAAGTTA	1560
	AAGGTGTACG TACAAATATT GGTACAGAGT ATTTATCTAA AGCAGTAATT ATTACAACGG	1620
	GAACATTTTT ACGTGGTGAA ATCATTTTAG GTAATATGAA GTATTCAAGT GGACCAAATC	1680
50	ACCAATTACC ATCAATCACA TTATCAGACA ATTTAAGAGA ACTTGGTTTT GATATTGTTC	1740

55

	AAATACAACC AGGTGACGAT GTAGGTCGTG CATTCAGCTT TGAAACAACA GAATATATAT	1860
	TAGATCAATT GCCATGTTGG CTAACGTATA CTAATGCTGA AACACACAAA GTTATCGATG	1920
5	ATAATTTACA TCTATCTGCA ATGTATTCAG GGATGATTAA AGGAACCGGG CCACGTTATT	1980
	GCCCTTCAAT TGAAGATAAA TTTGTTTCGAT TTAATGATAA GCCGCGACAT CAACTTTTCT	2040
	TAGAGCCTGA AGGTCGTAAT ACAAATGAAG TATATGTGCA AGGATTGTCT ACAAGTCTTC	2100
10	CTGAACATGT GCACGTCAAA TGTTAGAGAC GATACCAGGT CTTGAAAAAG CAGATATGAT	2160
	GCGTGCCGGC TACGCAATTG AATATGATGC GATTGTGCCA ACGCAGTTAT GGCCTACACT	2220
	TGAAACGAAA ATGATTAAAA ACTTATATAC TGCAGGTCAA ATTAATGGTA CATCTGGTTA	2280
15	TGAAGAAGCA GCAGGACAAG GATTGATGGC AGGTATTAAC GCTGCAGGTA AAGTGTTAAA	2340
	CACAGGCGAA AAGATATTAA GTCGTTTACA TGCATATATT GGTGTCTTAA TCGATGATCT	2400
	TGTAACATAA GGTACTAATG AACCTTATCG TTTACTAACA TCACGTGCAG AATATCGTTT	2460
20	GTTACTACGT CATGATAATG CTGATTTGAG ATTGACGGAT ATGGGATATG AACTTGGTAT	2520
	GATTTCTGAA GAAAGATATG CACGTTTTAA TGAAAAACGT CAGCAAATTG ATGCGGAAAT	2580
	TAAGCGTTTA TCAGATATTC GTATTAAACC AAACGAACAT ACGCAAGCGA TTATTGAACA	2640
25	ACATGGTGGT TCTCGCTTAA AAGATGGTAT TTTAGCTATC GATTTATTAC GCAGACCTGA	2700
	AATGACTTAC GATATAATTT TAGAACTTTT AGAAGAAGAA CATCAATTGA ATGCAGATGT	2760
	TGAAGAACAA GTAGAAATAC AAACAAAATA TGAAGGTTAT ATCAATAAAT CACTACAACA	2820
30	AGTTGAGAAA GTTAAGCGTA T	2841

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 178:

35	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
	(A) LENGTH: 3025 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 178:

	ATCTAATTTT AAACCCGGTG ATAAATTGCC AAGCGTGACG CAATTAAAAG AACGTTATCA	60
45	AGTAAGTAAG AGTACTATCA TTAAAGCATT AGGCTTATTG GAACAAGATG GTTTGATCTA	120
	TCAAGCACAA GGCAGTGGTA TTTATGTGAG AAATATTGCT GATGCCAATC GTATCAACGT	180
	CTTTAAGACT AATGGTTTCT CTAAAAGTTT AGGTGAACAC CGAATGACAA GTAAGGTACT	240
50	TGTTTTTAAG GAGATTGCAA CGCCACCTAA ATCTGTACAA GATGAGCTCC AATTAAATGC	300

55

	CGAATATTCT TATTATCATA AAGAAATCGT GAAATATTTA AATGATGATA TTGCTAAGGG	420
	CTCTATCTTC GACTATTTAG AATCAAACAT GAAACTTCGT ATTGGTTTTT CAGATATTTT	480
5	CTTTAATGTA GATCAACTCA CTTCAAGTGA AGCTTCATTA CTACAATTGT CTACAGGTGA	540
	ACCATGTTTA CGTTACCACC AGACTTTTTTA TACAATGACT GGCAAACCCT TTGATTCATC	600
	TGACATCGTA TTTCATTATC GTCATGCACA GTTTTATATT CCTAGTAAAA AGTAATAAAT	660
10	ACATAAAAAC GTCTATATCC CAGTTATAAA CTGGAGTATA GACGTTTTTT TACGATAATA	720
	ACAATGGCTC AAATTGCTAT TATCTTGCTT AGGTTTTTCG TTTTAGAAGA ATATTGCTAC	780
	AAAGACAGGC ACAACTGCTA CAACAACTAC ACCAACTAAC ACTAAAGCTA TACTTGCCAT	840
15	TGATTCTTCT ACAGGTCCTA ATTCTTTGGC TGGTGCTACA CCTAATGTGT GACCACTTGT	900
	TCCAAGTGCT AATCCTCGGG CAATAGGGTT AGTAATTCGG AAAAGCTTTA AGAATTTATT	960
	ACCTAGGGCA TAAATAATGA CACCATTTAA AATAACTGCT AATGATGTTA ATTCTTTTAT	1020
20	ACCACCGATA CCAGCTGATA CTGGTAACGC AATCGCTGTA GTTGCTGCTT GAGGTAACAT	1080
	TGATAAAATA ACATCATTGG CAAATTGTGC TAACTTCGCA AAAGTTAAAA TAATTAATAA	1140
25	CGCTACAACT GTACCGATAC CAATACCTCC GATGATACGA TGCCAATGTT TAACAAGCAC	1200
	TTCACGCTTT TTATATAACG GAATCGCAAA ACAGATTGTT GCCGGTTCTA AGAAGAAGTA	1260
	AATAATGTCT CCACCTATTT TGTAAGTCTT ATACGGAATG CCTGTAAAT AGAGGAAGGC	1320
30	CACACCAAAT ACCATACTGA CAAATAGCGG TGCGAATAAG AAGAAACGAT TAGTTTTTTC	1380
	AAATAATATG GTCGCTAAGA AAAATGGTAT AACGGATAAC AGTATTCCGA AGTAAGGTGT	1440
	GTTTaGTGCT AAGTGGTTAA TCaTGAGCTT GTGCCTCCTC TATTTTGATC TTTTGTGA	1500
35	CTTTGTCACC TTTAGATCTC GAAGTAACTT TCATAATAAT TTgTGTGACA TAGCCAGTAC	1560
	AAATāAGTAA TAGTATTGTT GAGACGATTA TTAGTCCAAT GATTAAAAAT GGTGCTTGGC	1620
	TAATgACACC TAAAGAGTTA ACAACTGAGA TACCGGCTGG TACGAAGAGT AAGCCAATGT	1680
40	TATTTGTTAG TGTCGTTCCCT ACTTTTTTCGA CTTGCGCTAA CTTAACAGCA CCAGTACATA	1740
	ATAATACAAA TAATAATACT AAACCGATTA CTGATGCAGG CATAGGAATT GGCATAAATG	1800
	ATTCAATTAT TTTCGATACA AAGAGTACTA AAGCAATTAC AATGACTTGG TGAAAAAAGT	1860
45	GTGCTGGTTT TGATGCGTCT TTTTGTTGTT TCACGACCAT TGCCTCCTAC GTTTGATTTA	1920
	ACTAAAGTAT AGATGGCTCA CTTGATTTTG CGTGATTTTT AGTCCGAAAT ACAAATATC	1980
50	ATAGGTAAAA TGCATAAAAA AAAGGATTAC TGTTAAAGTA ATCCTATCGA CGCTTTAAAA	2040
	TCTTTCATAA ATGAACGTCC AACTTGCATC TTGACACCAT TTGTCAATAT TACCATATAA	2100

TGAATACGTA TAAAATAAGT GGGATTCAAT CGTTTTTCAT AACGATTCAA TGGCTCTGTT 2220  
 GTTTCGTATT TATGATTCGT TGTATGTATG GTTGTAATAC CATTATGTGT GCCAATCCCA 2280  
 5 ATAATATTTT GTTGCTTTAA CATGTGAATT TTATCGTCAA TTTCAACAGG TAAGCTTTGA 2340  
 TCAAAATTCG CCGACATATC ATTCGCAATT GCACTTGCGT TATTATCATC TTTGGCTTTA 2400  
 GTCGCACGCA CTTTATTGAC TGCTTGTTCA ATACGTTTTT GACCAAACGG TTTCAAATA 2460  
 10 TAGTCTGTCG CATTTAATTC AAATGCCTGT ACTGCGTATT GGTCATGTGC AGTTGCAAAA 2520  
 ATAATCGCAG GTGGCTCTTT CATCTTTTGA ATCTTAGCTC CTAATTCGAT CCCATTTTCA 2580  
 TCCATTAAAT TGACATCTAA AAATATAATG TCATATTGAT TGATCAGTAG TGCTTCCAAT 2640  
 15 GTTCTTTTFA CATTTTCTGC CTCATTAATT TCTTCAAAAC CACCAATTTT ATTTAATAAA 2700  
 TATGTTAATT CATTACGTGC TAATGGCTCA TCATCTATGA TTAATGCTTT CATATTTATT 2760  
 CCTCCTCTTG TCTTTCATAA GGAAGTACAC ACCAAAAAGT GGTACCGCTC GATGTCGATT 2820  
 20 CAAATTGTAA TGCTGCGGAT TTTCCAAATA ATCCTTTTAG GCGTAAGTTT AAATTTTCTA 2880  
 AAGCACTACC AGTTCCAGAC TCTGATTCTA CAGATGTnTC TCCCaACAAA TGCATTTTAT 2940  
 CTTTAGAAAT ACCCTGACCA TTATCTTGTA CAATAATACG TACATGTGTT GCAGTTTCTT 3000  
 25 TAATCACTGA CACGTCAATA TCGTT 3025

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 179:

30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1689 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

35

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 179:

ACAGAATTTT ACAGCATTTT TAGATGAAAA AATAAGCCAG TCATAGCGTT GATTTAACAA 60  
 40 ATGAATATCA AAATTTAGTG GCTTTATATC AATAAAGGGT TTGTGAATAA TTGATACTAA 120  
 ATCACTTTGC ATGTCATTTG TTTGTGTCAT AACTACAACCT GGCTTCATAT TTAAACGTCA 180  
 CTCCATTATT TAATGTTGTT CATTTAAGCG TTTTATAATT TCATAAGCAC CTTGCTCTTT 240  
 45 TAATTTGTTA CTCACGTGTT TGCCTAACTC AACCGGATCT GTTCCGTTCA TTGTATATTC 300  
 AAATCGTTCT TTACCATCTG GGGTCATAAT TAAACCTGTA AATTCGATTT CGTTTTGATC 360  
 TGAGATTGTA GCATATCCTG CAATTGGCAC CTGACAACTA CCATCCATTT CTGCTAAAAA 420  
 50 CGTTCGTTCA GCAGTCACAC ATTTTGCAAC CTCATCATTA TGTACTTTGC TTAATAATGT 480

55

5 TAACAATGTA TCTCTATCAA GATAAGATGT TnCAATATCA TCTGACCAGC CCATTCTTCT 600  
 TAAACCAGCT GCAGCTAAAA TAATCGCATC ATAATCTTCA GTTTGTAACT TTTCTAATCG 660  
 TGTATCTATA TTACCTCTAA TCCATTTAAT CTCTAAATTA GGATACTTAG ATAATATTTG 720  
 TGCACCACGA CGTAATGAAC TAGTACCAAT AATACTGCCT TCTGGCAATT GGGATAGTGG 780  
 10 TGTATGTGTT TTAGAAATAT ACGCATCAAA AGGTAATTCT CTATCAGGGA TACAACCTAA 840  
 TGTAAACCT TCCGGAATTA CACTTGGTAC GTCTTTAAGC GAGTGTATTG CCATATCGAT 900  
 ATTTTTTTCA AAAAGTTCAT GTTGTATTTT TTTAACAAAT AAGCCTTTGC CTCCGACTTT 960  
 15 AGACAATTGT TTATCTACTA TACGATCGCC TTTCGTGACA ATTTCTTTAA TTTCAATTTT 1020  
 TAGATTTGGC TCGACAGCTT TTAATTTATC AATAAATTGC TGGCTTTGTG TTAAAGCTAA 1080  
 TTTACyTCTT CTGGAGCCAA CGACTrATT ACGCATGTTT AATTCCTCCT AGGAACGGAT 1140  
 20 TGCTCTAGAT TATTTTCTCA ATTCACAAAA TGTGTTGCAA AAAATAAATT AATCATATTT 1200  
 AAGCAAAATA AAATAATGTT ATAGTATATT AAATATCTTG AATTCAACCA TTTGTTGATT 1260  
 CTAAGTAAAA TATAACTTCC ATATAATACT GTAATAATTG AAGAGAGTAT TACCTTCGGG 1320  
 25 TCAATGAATA TACGTTCAAC AACTGAAATT ACACCCCACT GTGTACCTAA AATAATACTA 1380  
 AATATGAGAA TTATCCACCC ACTTAACGTT GAGTAAAACA CAATTGATTC AAGTGTAGCA 1440  
 ACGCTACCAA TTCTAAAGTA TTTTGTATCA AAACGTTTTT CCTTCAAATT ACGGTATTGC 1500  
 30 ATGATATACA GTAATGCATT GACAAAAGCT AAGGCAAAGA AGACATAACT TAACACAGCT 1560  
 AGACCGATAT GGACTAACAG TAACTCGTCT ACAACAGCAA TTTTCTGAAC CTTATTAGTA 1620  
 TAATGTGTCG GTTGAAATGT ATTCATCCCT AAAGTGTTA ACCCTATTAA ATTCCAAGGA 1680  
 35 AAAACACAG 1689

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 180:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1209 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 180:

nTGGnTGGCT TTTCTATTG GACCAAATGG ACCnTTTACC TGGCCnTTCC CAGGACACCC 60  
 CGCTTGTGCC CACATTCCAA TCGGAAAAGG TGTATGTGGT ACAGCCGTTT CAGAACGTCC 120  
 TACACAAATT GTAGCTGATG TTCATCAATT CGAAGGACAT ATCGCTTGTG ATGCTAATAG 180



CGATGCCCCCT ATAACGGATC GATTTGATGA CAATGACAAa GAaCATCTTG AaGCAATTGT 300  
 TAAAATTATT GAAAaGCAAC TCGCATAAAA GGACATCAGC ATTTTCAATA AAGTGTGAC 360  
 5 AGTTAGCAGG AAAATGTTAC AATAATCTTT GTGTGAATTA ACGAAAGTAG CAGTTGTATA 420  
 TTATTGAGCG CTATGTTGTT CCCAATGCGG ACGTGTACAG TAACTGTCCG TATAAGGTGA 480  
 AGACACATAA AACAATATAT CTTAGTAAGC ATGCAACACT CTTTTTTGTT TATTCATAAC 540  
 10 AACAAAAAAG AATTAAAGGA GGAGTCTTAT TATGGCTCGA TTCAGAGGTT CAAACTGGAA 600  
 AAAATCTCGT CGTTTAGGTA TCTCTTTAAG CGGTACTGGT AAAGAATTAG AAAAACGTCC 660  
 TTACGCACCA GGACAACATG GTCCAAACCA ACGTAAAAAA TTATCAGAAT ATGGTTTACA 720  
 15 ATTACGTGAA AAACAAAAAT TACGTTACTT ATATGGAATG ACTGAAAGAC AATTCCGTAA 780  
 CACATTTGAC ATCGCTGGTA AAAAATTCCG TGTACACGGT GAAAACTTCA TGATCTTATT 840  
 AGCAAGTCGT TTAGACGCTG TTGTTTATTC ATTAGGTTTA GCTCGTACTC GTCGTCAAGC 900  
 20 ACGTCAATTA GTTAACCACG GTCATATCTT AGTAGATGGT AAACGTGTTG ATATTCCATC 960  
 TTATTCTGTT AAACCTGGTC AAACAATTTT AGTTCGTGAA AAATCTCAAA AATTAAACAT 1020  
 25 CATCGTTGAA TCAGTTGAAA TCAACAATTT CGTACCTGAG TACTTAAACT TTGATGCTGA 1080  
 CAGCTTAACT GGTACTTTTCG TACGTTTACC AGAACGTAGC GAATTACCTG CTGAAATTAA 1140  
 CGAACAATTA ATCCGTTGAG TACTACTCAA GATAATACGG TCAATACCAA CACCCACAAT 1200  
 30 TGTGGGTGT 1209

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 181:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 698 base pairs  
 35 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

40 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 181:

AAATCCCTTt GTtaAAgTsC AAAtTTTTCc AACrgCTTTA AtArGACCCA TATTACCTtC 60  
 TTGGATTAAA tCmAGGaATG AcATACCACG ACCaCGTATC TTTTAGCAAT ACTTACAACT 120  
 45 AAACGTAAGT TCGCTTCTGC AAGTCTTGAT TTTGCTACTT CATCACCTTG TTCAATACGT 180  
 TTGGCTAATT CGATTTCTTC TTGTGCACTT AATAAGTTAA CACGCCCAAT TTCTTTAAGG 240  
 TACATACGAA CTGGGTCATT TATTTTAACA CCTGGAGGGG CACTAAGATC ACTTGGATTC 300  
 50 AGTTTCTCGT CAGTATCTGA ACTATCTTTT TCATTAATA GTGAAATATC ATTATCATTT 360

55

GCAATTTCTT CATGACTTAA ATGACCCTCT TTTTACCTT TTTCAATTAA TTGCTTCTTA 480  
 ACATCTTCTA ATGTTAATGT CGGATCAATT GTTTGTTTTT TAATTTTAAC TGTGTTATCA 540  
 5 GACATGAAAC GGCCTCCCGA TTTTAAATAT GAACATTCGA AATTTATTCA ATATTGCTAT 600  
 TTTAAACGAA ATTCTTAATT AATTCCATCC ATATTTTnAA TTTTATTTTA CAAATTGGGA 660  
 ACTAAATCCC CAATATTTAT TTTTCAATAG TGGTGGTT 698

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 182:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5147 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 182:

ACTTGATGAT GTATACAATG TATTTCAAGA ATATTATCAA AAAACATCTA ACATTAAGTT 60  
 TTGTAGAATT CACAATTCTA GCTATTATCA CTTCTCAAAA TAAAAACATC GTTCTTCTTA 120  
 25 AAGATTTAAT TGAAACAATC CACCATAAAT ACCCTCAAAC TGTTAGAGCT CTCAATAATT 180  
 TAAAAAGCA AGGCTATCTA ATAAAAGAAC GCTCAACTGA AGATGAAAGA AAAATTTTAA 240  
 TTCATATGGA TGACGCGCAG CAAGACCATG CTGAACAATT ATTAGCTCAA GTGAATCAAT 300  
 30 TATTAGCAGA TAAAGATCA? TTACATCTTG TTTTGAATA ATATCTCTAT TACGCAAGTG 360  
 TGCTGTATTC TAAAGTGCAC TTGTGTTTTT TATTTTAA TAAACCTCA GCACATAATG 420  
 AACAACTTTC TATTTTCTAT ATCACTTAAA ACCATTTCGG AAATTAAACC TCAGCACATT 480  
 35 CAAAGCCCCA CTTTATTCTT AAAAATATTT TTTAACTCAT ATGTATTAAA CCGCTTTCAT 540  
 TATAAAAAAT ATCTCTATAT TtTATCTGtT TtTATTAATC GAAATAGCGT GATTTTGCGG 600  
 TTTTAAGCCT TTTACTTCCT GAATAAATCT TTCAGCAAAA TATTTATTTT ATAAGTTGTA 660  
 40 AAACCTACCT TTAAATTTAA TTATAAATAT AGATTTTAGT ATTGCAATAC ATAATTCGTT 720  
 ATATTATGAT GACTTTACAA ATACATACAG GGGGTATTAA TKTGAAAAAG AAAAACATtT 780  
 ATTCAATTTCG TAAACTAGGT GTAGGTATtG CATCTGTAAAC TTTAGGTACA TTACTTATAT 840  
 45 CTGGTGGCGT AACACCTGCT GCAAAtgctG CGCAACACGA TGAAGCTCAA CAAATGCTT 900  
 TTTATCAAGT CTTAAATATG CCTAACTTAA ATGCTGATCA ACGCAATGGT TTTATCCAAA 960  
 50 GCCTTAAAGA TGATCCAAGC CAAAGTGCTA ACGTTTTAGG TGAAGCTCAA AAACCTAATG 1020  
 ACTCTCAAGC TCCAAAAGCT GATGCGCAAC AAAATAACTT CAACAAAGAT CAACAAAGCG 1080

	AAAGTCTTAA AGACGACCCA AGCCAAAGCA CTAACGTTTT AGGTGAAGCT AAAAAATTAA	1200
	ACGAATCTCA AGCACCGAAA GCTGATAACA ATTTCAACAA AGAACAACAA AATGCTTTCT	1260
5	ATGAAATCTT GAATATGCCT AACTTAAACG AAGAACAACG CAATGGTTTC ATCCAAAGCT	1320
	TAAAAGATGA CCCAAGCCAA AGTGCTAACC TATTGTCAGA AGCTAAAAAG TTAAATGAAT	1380
	CTCAAGCACC GAAAGCGGAT AACAAATTCA ACAAAGAACA ACAAATGCT TTCTATGAAA	1440
10	TCTTACATTT ACCTAACTTA AACGAAGAAC AACGCAATGG TTTCATCCAA AGCCTAAAAG	1500
	ATGACCCAAG CCAAAGCGCT AACCTTTTAG CAGAAGCTAA AAAGCTAAAT GATGCTCAAG	1560
	CACCAAAAGC TGACAACAAA TTCAACAAAG AACAAACAAA TGCTTTCTAT GAAATTTTAC	1620
15	ATTTACCTAA CTAACTGAA GAACAACGTA ACGGCTTCAT CCAAAGCCTT AAAGACGATC	1680
	CTTCAGTGAG CAAAGAAATT TTAGCAGAAG CTAAAAAGCT AAACGATGCT CAAGCACCAA	1740
	AAGAGGAAGA CAATAACAAG CCTGGCAAAG AAGACAATAA CAAGCCTGGC AAAGAAGACA	1800
20	ACAACAAGCC TGGTAAAGAA GACAACAACA AGCCTGGTAA AGAAGACAAC AACAAGCCTG	1860
	GCAAAGAAGA CGGCAACAAG CCTGGTAAAG AAGACAACAA AAAACCTGGT AAAGAAGATG	1920
25	GCAAAGAAGC TGGTAAAGAA GACAACAAA AACCTGGTAA AGAAGACGGC AACAAGCCTG	1980
	GCAAAGAAGA TGGCAACAAA CCTGGTAAAG AAGATGGTAA CGGAGTACAT GTCGTTAAAC	2040
	CTGGTGATAC AGTAAATGAC ATTGCAAAAG CAAACGGCAC TACTGCTGAC AAAATTGCTG	2100
30	CAGATAACAA ATTAGCTGAT AAAACATGA TCAAACCTGG TCAAGAACTT GTTGTTGATA	2160
	AGAAGCAACC AGCAAACCAT GCAGATGCTA ACAAAGCTCA AGCATTACCA GAACTGGTG	2220
	AAGAAAATCC ATTCATCGGT ACAACTGTAT TTGGTGGATT ATCATTAGCC TTAGGTGCAG	2280
35	CGTTATTAGC TGGACGTCGT CGCGAACTAT AAAACAAAC AATACACAAC GATAGATATC	2340
	ATTTTATCCA AACCAATTTT AACTTATATA CGTTGATTAA CACATTCTTA TTTGAAATGA	2400
	TAAGAATCAT CTAAATGCAC GAGCAACATC TTTTGTTGCT CAGTGCATTT TTTATTTTAC	2460
40	TTACTTTTCT AAACAACCTC TGAAACGCCT CAACACTTTC TACTCTGATT ACATATATGA	2520
	CATTTTTAGG CATTAAAAA TCGAACTAGA CAAGATGCTC ATTGCATTTT GTACTAGTTC	2580
	GATTCATGAA TAATTAGATT TAAAATGTCA TTTGAATCCA AGTGACAACA TTATTTATAT	2640
45	TTAGAATATT AACGTTAGTA TAAACGTCCA AACACAAATA AAAGCAACAA ATATAATACT	2700
	GTATTTTAAAC GTCATTTTTA ATAATGCAGA TTCTTCACCA ACTTTTTTAA CAGCTGCAGT	2760
	CGCAATGGCA ATTGATTGTG GTGAAATAAG TTTCGCTGCT ACACCACCTG CAGTGTTAGC	2820
50	TGCCACAAGT AATGAACCGC TTGTTGAAAT TTGTTGTGCC ACTGTCGCTT GAATAGGTGC	2880

55

	TGGAGAGAAT AATGGGAAAA TTGCTCCCGC TTTAGCAATA CCTTGTCCAA TTGCTACAGT	3000
	CAAACCACCG TATGTCATAA CTTTAGCAAT AGCTAGGATA GCTGAAATTG TAAGGATCGG	3060
5	TAACCATAAT TCTTTAATTG CTTGACCAA TAAAGCACCT GCACTTTTCC ATTTTAACTT	3120
	CGTAATTAAA ATTGTAATAA TTA CTGTGTTAA TAAAATCGCT GTCCCAGTTG CACCAATTAA	3180
	ATCGAGACGC AACGCAATTC CTTTAGGCGA TAAATCACTC ACAGTATTG GAATTGGCAA	3240
10	TTTTATTACT AAACCTTCAA GTGCACCTCC AGGTTGGAAT AATTTTTTGA AGAATGGTGC	3300
	ACTCCATACT AATACAAAGG CAGTTAAAAT TACGAACGGA CTCCAAGCAA AGACAATTTT	3360
15	TTTAGGCGTT CGTTTTTGAA TTTTATGTTC AGACGCTTCC AATCTGAAAA TGTTTTTTCGG	3420
	TTTAAATTTA CGACAAACAA ATGCTAACAC CACCATTGTT GCTAGTGATG GAATAATGTC	3480
	TGCTAGTTCT GGACCATGGA ATATTGTAA TAATAATTGT AATCCAGTAT ATGTACCACT	3540
20	CACTGTAAAA ATGACAGGTA AAATTTCTTT AATACCTTTC ATACCATCTA CAATGAATAC	3600
	TAAAACAAAT GGAATAATAA AGTTTAAAAT TGGAAGTGTT AATGCTGAGT ATCTCGCAAC	3660
	ATCTAATGTT GTAACGCCTC CACTTAAGTT AAACGTATCA ATAATACTAA CTGGTAAACC	3720
25	AATTGCACCA AAGGCACCCG CCGCACCATT AGCAATTAAA CATAACATCG CTGCTTTTAA	3780
	TGGTTCAAAT CCAAGTTGAA TTAATAATAC TGCACAAATC GCAATTGGCA CACCAAATCC	3840
	TGCTGCACCT TCTAAAAATG CGTTGAAACA AAATCCAATT AATAATAGTT GGATTCTTTG	3900
30	GTCCACTGAA ATACTTGCAA TACTATCTTG AATAATAGAA AATTGTCCTG TTTTAATAGA	3960
	AACTTTATAT AACCAAATG CCATTAAAAC GATATATCCT ATTGGGAAAA TACCGGCAAC	4020
35	AACGCCTTCT GTAATCGCAC CTGCTGATAC ACGCGCTGGT AATTCAAATA CAAATAAAGC	4080
	CACAATCAAT GTAACAACCA AAGTTGTCAA TGCTGCATAA ATGCCTTTCA TTTTAAAAAC	4140
	GGTTAAGCAT AATAAAAATA AAATAATAGG TACTGCTGCA ACTAAGGCTG ATAATCCGAC	4200
40	ATTATCGAAT GGATTTACAG TAAGTAGTGT CATAATGACT CCCTCTCTTT ATATAAAATA	4260
	TTTATCATTC TGATTAAICT ACAACCTATT TCAACTTATA TTTTGCGATG ATCACATATT	4320
	TAAAATGTAA CACTCCTATA TGTGACAGGC AATCGAATTT TTACAAAAAG TTCACAAAAT	4380
45	ATACACAATA TTAACTATA ATATAATAATA TATCaTntTA ATTATAAATA CTAGATATTA	4440
	TTTATAATAA TCTCAGGAAT TCGCTTCAAA ACTGCATCAT GAGAGTTTAT ATTTTATTG	4500
50	AGAATCTCTC ATTTTATGAA TTGTAGGAAG TAAACAAAAT ATGACAAGCG TCAAACCAAT	4560
	GATAATGATA AATATCATAT TAAACCATAG TAAATTGAAT TGATGATGGT GTTGTATTTG	4620
	CCAAATTTCT AATACTGTGA AGATAGACAT ATAGCTCATA ATCTCTAAAT TTAACGTACT	4680
55		

	AAATCGTTCA TAGTATCTAC CTGCAATGAA AAATATAAGC CAAATCACTA TAAATGCGCT	4800
	ATTAATCAAA AGCAGCACCC ATTTATCAGC AAAATTATCA GCATCCCCTG CTAAATTATA	4860
5	ATGAATAGGC ACTTTGGTTG GTAATTTTGG ATAGGTCAC TACTGTATAGC ACATCATAGC	4920
	TAAGTAAATA AGTAGACTTA ATATTGTAAA AGACCTGATT TTAGACATTC TATCGCCTcT	4980
	TcTTTACATT TTATGTATAA CACTCTGCCT ATTTTACCTT TTAATaCATT ACCCCAAcGA	5040
10	TtAAaCAATA tGTAAaTGATA CTATAATTGC GTCAGGAGTA TCCGCTTGTT AAATGTGCAT	5100
	AGCTTATATT TAGCTGTTTA ACATGCCACA TAATGATTCTG AATTATT	5147

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 183:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1312 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 183:

25	CACTTACTTC CACCATTATC ATAACCTTAA AATGGATATA nTTCATCAAA CATTATCTAA	60
	AGGCGTCGCA CCTACACCAA CACCATCCAA CAATTAACTT ACAACTCTGC GATTACTTCT	120
	TCAGCAGCAA CTTTCACnTG CGTAATACAA TCAGGTAGTC CAACCGCTTC AAAAGATGCA	180
30	CCAGTTACTC TAAGTCGTGG ATATGTTTGT TTAATATGTG CTTGAATCTG TCTAATTGT	240
	TGAATATGAC CGACATGGTA CTGTGGCATA CTTTTCGGCA AACGATTGAC AATTGTAAAT	300
35	TCAGGATCAC CTTTAAATGT CATCATTTGA CTTAAATCTC TACGTACAAT CGATACTAAT	360
	TCATTATCTG TATGATCATC AACCACAGTA TCACCTGGTT TACCTACATA CGCACGAATC	420
	AAAACCTTAC CTTCCGGTGT AGTAAATGGC CATTTTTTTCG ATGTCCAAGT ACATGCGGTA	480
40	ATGTCTGTAT CACTCGTTCT CGCAATTACG AAGCCAGTAC CATCATGGGT ATTTTCAATG	540
	TCTTTTTTCAI CAAATGCCAA TACAACAGTT GCAACAGTCG TACTATCCAT CGTTTTAAAG	600
	TAATCAAATG CTGGATCTTG TCCGAACCAA TTAAAAACA CTTGATGTGG TGTCGTTACT	660
45	AATACGCCAT CATACTTCT TTCTAGTTGA TCATTGTAAA CAATTTTATA TTGTTTTTGA	720
	GATGTAATTA TATCATCCAC TGACGTATTG TAGCGTATTG TCACACCTTT ATTTTAAACA	780
50	TCTTGTTCTA ATGCTTCAAT AAATGAGCTT AAACCATGCT TAAATTGTTT GAATTGTCCT	840
	TTCGGTGCGC CAGGATATAA TTGTCTTTGT TTCAGACGCT TATTTTTCTC ATCCTTCATA	900
	CCTTTTATCA GACTTCCGAA TGCCTCTTCT TTTTCTTTAA AATTAGGAAA CGTACTCATC	960



TCAAGTACCT CATTACCTAA TCTTGCTCTG AAAAATGCAC CAACAGAAAT GTCACCATCC 1080  
 TGCATTTGAG TAGGTTTTTT TAATAAATCA AACCTGCTC TTAATTTACC AAGTGGCGAT 1140  
 5 ATTAATTTTG TAGTAACAAA TGGTTTAATA TCTGTTGGAA TACCCATAAT TGAACCACCT 1200  
 GGAATCGGAT ATAATTTATT TTTCGCAAAA ATATATGATT GTCCAGTCGT ATTTGTAAAC 1260  
 ATATCTTGTT CTAATCCAAT ATCTTTCGCT AATTCTGTCA TAATCGTTTT TC 1312

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 184:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 6157 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 15 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 184:

TTTTACAATA AAAATATGAT ATACTACTTG TCGTATATAA GGAACGGAGG ACAATTTATG 60  
 CATACATTTT TAATCGTATT ATTAATCATT GATTGTATTG CATTAAATAAC TGTTGTACTA 120  
 25 CTCCAAGAAG GTAAAAGCAG TGGACTTTCA GGTGCCATCA GTGGTGGTGC TGAGCAGTTA 180  
 TTCGGTAAAC AAAACAACG TGGCGTCGAT TTATTCTTAA ATAGATTAAC AATTATTTTA 240  
 TCAATATTAT TTTTGTACT TAIGATTTGC ATAAGTTATC TTGGTATGTA AGGTCCGGCG 300  
 30 ATGTAAATGT CGGGCTTTTT TATTTATAAT TAAGAATGTA ATAGTTTAAAC AATAAGCTAT 360  
 GTAAAATATA TAGCCTAGTT AAGTATGCAA AGGGAGCGTT AGATTTATGC AGATAAAATT 420  
 35 ACCAAAACCT TTCTTTTTTG AGGAAGGTAA ACGTGCCGTG TTATTACTAC ATGGTTTTTAC 480  
 AGGCAATTCG TCTGATGTTT GTCAATTAGG TCGATTTTAA CAAAAGAAAG GTTATACATC 540  
 ATATGCACCG CAATATGAAG GCCACGCGGC ACCACCAGAT GAAATACTGA AATCTAGTCC 600  
 40 TTTCTGTTTG TTAAAGATG CGTTAGATGG TTATGATTAT CTTGTTGAAC AAGGTTATGA 660  
 TGAAATTGTT GTTGCTGGTC TATCATTAGG TGGGGATTTT GCTTTAAAAT TAAGCTTAAA 720  
 TAGAGATGTA AAGGGTATTG TAACGATGTG TGCTCCTATG GGTGGCAAAA CTGAAGGTGC 780  
 45 CATTTATGAA GGCTTTTTAG AATATGCACG CAATTTTAAA AAGTATGAAG GTAAAGATCA 840  
 AGAGACTATT GATAATGAAA TGGATCATTT TAAACCAACT GAACTTTAA AAGAACTAAG 900  
 TGAAGCATTG GATACGATTA AAGAGCAAGT TGATGAAGTG TTGGATCCTA TTTTAGTGAT 960  
 50 TCAAGCAGAA AACGACAATA TGATTGATCC ACAATCCGCA AATTATATAT ATGACCATGT 1020  
 AGATTCTGAT GACAAAAATA TCAAGTGGTA CAGTGAATCT GGACATGTTA TTACGATTGA 1080

	AGAATAAAAA GAGATTTTAA CATTAGAAAG GAGGGGCATA ATGAATTTAA AGCAATCTAT	1200
	AGAAGAGATT ATTAATCAAC CTGAATATGA ACCTATGTCA GTGTCAGATT TTCAAGATGC	1260
5	ATTAGGTTTA AGCAGTGCCG ACTCGTTTAG AGATTTAATT AAGGTGCTTG TGGAGTTAGA	1320
	ACAATCAGGA TTAATCGAAC GTACAAAAAC AGACAGATAC CAAAAAAGC ATAGTTATAG	1380
	AGGTCAATCA AAATTGATAA AAGGAACGTT AAGTCAAAAT AAAAAAGGCT TTGCATTCTT	1440
10	AAGACCTGAA GATGAGGATA TGGAAGATAT ATTTATTCCC CCGACGAAAA TTAATCGTGC	1500
	CTTGATGGA GATACTGTTA TTGTAGAAAT CCATCAATCA AAAGGTGAAC ATAAAGGTAA	1560
	AATCGAAGGG GAAGTTAAGT CGATTGAGAA GCATTCTGTA ACTCAAGTTG TTGGTACGTA	1620
15	TAGTGAACCT AGACATTTTG GCTTTGTTAT TCCGGATGAT AAACGTATTA TGCAAGATAT	1680
	TTTCATTCTT AAAGGTCAAA GTTTAGGCGC AGTCGATGGT CATAAGGTAC TTGTACAAAT	1740
20	TACTAAGTAT GCTGATGGTT CAGATAATCC AGAAGGACAT ATTTCTGCTA TTTTAGGACA	1800
	TAAAAATGAT CCTGCCGTAG ATATTTTATC TATTATCTAT CAACATGGCA TAGAAATTGA	1860
	ATTCCTGAT GAAGTGTTAC AAGAAGCTGA AGCAGTACCT GATCATATTG AAAATACTGA	1920
25	AATTAAAGGC CGTCATGATT TACGTGATGA ATTGACAATC ACAATTGATG GTGCTGATGC	1980
	TAAAGACTTA GATGACGCAA TTAGTGTTAA AAAGTTAGCG AACGGTAATA CGCAATTAAC	2040
	TGTAAGTATT GCTGATGTCA GCTATTATGT AACAGAAGGT TCTGCATTGG ATAAAGAGGC	2100
30	ATATGATAGA GCGACAAGTG TATATCTTGT TGACCGTGTA ATTCCAATGA TTCCACATCG	2160
	ATTAAGTAAT GGTATTTGTT CATTGAATCC TAATGTTGAT CGTTTAACTC TAAGCTGTCTG	2220
35	CATGGAAATC GATGCTAGTG GTCGCGTTGT TAAACATGAA ATTTTGTGATA GTGTTATACA	2280
	TTCTGATTAT CGAATGACGT ATGATGCGGT AAATCAGATT ATTACTGAAA AGGATCCTAA	2340
	CATTCGCGAA CAATATAATG AAATTACGCC TATGCTAGAT TTAGCACAAG ATTTATCTAA	2400
40	TCGTTTGATT CAAATGAGAA AACGACGTGG TGAAATCGAT TTTGATATTA GTGAAGCAAA	2460
	AGTATTAGTT AACGAAGACG GTATACCAAC AGATGTTCAA TTAAGACAAC GTGGCGAGGG	2520
	TGAACGTCTA ATTGAATCAT TTATGTTAAT TGCAAATGAA ACAGTTGCTG AACATTTTAG	2580
45	TAAGTTAGAT GTACCTTTTA TTTACCGAGT GCATGAGCAA CCTAAATCAG ATCGCTTAAG	2640
	ACAATTCTTT GATTTTATTA CAACTTTGG CATCATGATT AAGGGTACTG GCGAAGATAT	2700
50	TCATCCAACA ACACTTCAAA AGGTTCAAGA AGAAGTAGAA GGTGACCTG AACAAATGGT	2760
	CATTTCAACA ATGATGTTGC GTTCAATGCA ACAAGCGCAT TATGATGATG TGAAGTTGGG	2820
	ACATTTTGGC TTATCAGCTG AATATTATAC GCATTTTACA TCACCAATTA GACGTTATCC	2880
55		

	AGAAGTGAAG CGTTGGGAAG ACAAATTGCC TGAGTTAGCT GAACATACTT CTAAACGTGA	3000
	ACGTCGTGCT ATTGAGGCAG AACGTGATAC TGATGaATTG AAAAAAGCAG AATATATGAT	3060
5	TCAACATATT GGTGATGAAT TTGAAGGTAT TGTCAGCTCA GTAGCTAACT TCGGTATGTT	3120
	CATTGAATTG CCAAATACGA TAGAAGGTAT GGTTCATATT GCGAATATGA CTGATGATTA	3180
	TTACCGTTTT GAAGAGCGTC AAATGGCATT AATTGGTGAG CGTCAAGCTA AAGTATTTAG	3240
10	AATTGGTGAC ACAGTTAAGG TTAAAGTGAC GCATGTTGAT GTAGATGAAC GATTAATTGA	3300
	TTTTCAAATT GTAGGTATGC CTTTACCGAA AAATGATCGA TCACAGCGCC CAGCGCGAGG	3360
	TAAGACAATT CAAGCCAAAA CGCGTGGTAA ATCATTAGAT AAATCAAAAT CTGATGATAA	3420
15	GGGTCGTAAG AAAAAAGGTA AGCAACGTAA AGGTAAAAAC CAACGTAATA ATGATAAATC	3480
	AGGTAATAGT AAGCATAAGC CATTTTATAA AGATAAAAGT GTGAAAAAGA AAGCACGTCG	3540
20	TAAGAAAAAA TAAGCAGCAA TGAGGTGAGT ATGAATGGCT AAGAAGAAAT CACCAGGTAC	3600
	ATTAGCGGAA AATCGTAAGG CAAGACATGA TTATAATATT GAAGATACGA TTGAAGCGGG	3660
	AATTGTATTG CAAGGCACAG AAATAAAATC AATTCGCCGA GGTAGTGCTA ACCTTAAAGA	3720
25	TAGTTATGCG CAAGTTAAAA ACGGTGAAAT GTATTTGAAT AATATGCATA TAGCACCATA	3780
	CGAAGAAGGG AATCGTTTTA ATCACGATCC TCTTCGTTCT CGAAAATTAT TATTGCACAA	3840
	GCGTGAAATC ATTAAATTGG GTGATCAAAC ACGTGAGATT GGTATTTCGA TTGTGCCGTT	3900
30	AAAGCTTTAT TTGAAGCATG GACATTGTAA AGTATTACTT GGTGTtGCAC GAGGTAAGAA	3960
	AAAATATGAT AAACGTCAAG CTTTGAAAGA AAAAGCAGTC AAACGAGATG TTGCGCGCGA	4020
35	TATGAAAGCC CGTTATTAAG CGATTTAGTT GCTTAATCGG GCTATATTTG ATATAGTTAT	4080
	ATGTGCTTTT GTAAATTACA AAAGTATGAT TTGTTTGATT TATTATTTTCG GGGACGTTCA	4140
	TGGAFTCGAC AGGGGTCCCC CGAGCTCATT AAGCGTGTCTG GAGGGTTGTC TTCGTCATCA	4200
40	ACACACACAG TTTATAATAA CTGGCAAATC AAACAATAAT TTCGCAGTAG CTGCCTAATC	4260
	GCACTCTGCA TCGCCTAACA GCATTTCTTA TGTGCTGTTA ACGCGATTCA ACCTTAATAG	4320
	GATATGCTAA ACACTGCCGT TTGAAGTCTG TTTAGAAGAA ACTTAATCAA ACTAGCATCA	4380
45	TGTTGGTTGT TTATCACTTT TCATGATGCG AAACCTATCG ATAAACTACA CACGTAGAAA	4440
	GATGTGTATC AGGACCTTTG GACGCGGGTT CAAATCCCGC CGTCTCCATA TTTGTAGCCT	4500
50	ACAGCCTTTG TGGTTGTGGG CTTTTTTTATT TTGTGTTTTT CAGGGGATAA TGCATTGCAG	4560
	AATTTGTTGT GAGTATTGAT ATAGCAGTGT TTGTATAGGT GTTTATTTGA TGGAGGAAAG	4620
	AGTAATAAGT GATTATGAAT TAGTTTTTGA GATATAAGGG GACAGTGATG TGTGTCAAAT	4680

55

TTATACGCAA AAAATTCTCC ATGTTATATA TGTCAATATA AAAATGTGAA TCGTCTACAC 4800  
 TTAATTGGAT AAATGGCTAC TGAAAAAGAA CTTTTCATTT TTGTTACGTC ACTAAGTGGG 4860  
 5 TGTAGTTATA AAGAGATGAG CCGAGTTTGT ATATTTTCAT TAGAATCAAT ATGCCTATTA 4920  
 ACACAATCAG CAATAGTTGA CGAGACGGAA ATAAAAGAAG TCGTAGTTAA GAAATGCATT 4980  
 TCACAACATA CCATTGTAGC CATTTTTATT GTTTTGGATG ATAAACTCTT TTTGGAATTT 5040  
 10 TTAGTTTTTA TAATTTGCAA CTACACTACT TCTTTTACTA ATATTAATGT CTAAGTAATC 5100  
 GATAAAAAAT TTTCCATTGA ATAAATGAGA AGTTAAAAAC TTTACTTAAC CTTTCycATT 5160  
 GCATTTTCCT ATTCACGATT TTAAGAACCC AACATACTAC AAACGAATTT TAAAAGGCGA 5220  
 15 GAGTAAAGCT TACTTGTTTA TTATACATAT TTAAATCCA AGAGTCAGAA CAGACTACTC 5280  
 CTCTTTATAA CTATAAAAAA TAGCTATGAA AAAATCTATC GTCATAGATT CCTTCATAGC 5340  
 20 TAATCTTAGT ATGTTTATTT TTATTTTAGG ATGCTATTTA TCAACTCAAC ATATAACTCA 5400  
 CTATTTTAT AACCTTCTAA TATATCATTA ACTTGCTCTAA TAGGTATTTT TGGTACTTCT 5460  
 CTAATGTTTT CCAATTTTGT TTAAATTGT TTTTTGTGA TTTGCTCTTT ATTTGTAGCC 5520  
 25 AATTGGAACA AGTAAGAATC TAGCATATTA ATTTCTTTAT ATGAATACAT ATATCTTAAT 5580  
 AACACTAAAT CTCTAGTTTT TAAGTTAGGC GCTAGTTCTT CTTGTAATTG TTCTATTGAT 5640  
 TGTyTCATTA ATAACAATCT CATTTCTAAT TCTTCATTAT TCATTTTATC ACACTCTTtT 5700  
 30 TATATTAATG CTTGACCAAC TTGGGAAACC CAAAACCCTA TGCTTCTTGC AGTAGAATCT 5760  
 TTAATACCAG TTCCCATCAA TGCTTGTGAA ACTTGACCTT GTACATTTCC CCATGTAGCC 5820  
 TCTTCTTGTT TTAATGCATT ATTCAATGCG GGATTTACAA ATTTATCCCA TCTTTTTTTT 5880  
 ATGATTTTCC GGCACGGGGA CTGATTTCTT TAACACCATT AAACACAGAT TTTTATTTT 5940  
 TAATCATAGC TTTATAGTAT CATGTTGGCT AAGCTATAAA TAAGTCAGTT TCTCTAAAAA 6000  
 40 TTAAATAACT GAATGTAAGA CAATCAACAA wCCAAATTTA TACTTCATCT AAACCACTGT 6060  
 GGTCGTCATC TTTTGCTTT TCTTTTTCTT TCTCTCGTTC TTGTTCTTTT TTGTA CTCTT 6120  
 CTTCAAATTC TTTTCTTTT TTTTCTACTT CTTCTCT 6157  
 45

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 185:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 884 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

CATTGTTAT TCTGAGTAGC CAATTGGCA AAGATGAACA AACGTCTGAA CAAACGTATC 60  
 AAGTTGCAGT CGCATTAGAG TTAATTCATA TGGCAACACT TGTTTCATGAT GACGTTATTG 120  
 5 ATAAAAGCGA CAAGCGTCGA GGCAAGTTAA CCATATCAAA GAAATGGGAT CAGACAACTG 180  
 CTATTTTAAC TGGGAATTTT TTATTGGCAT TAGGACTTGA ACACTTAATG GCCGTTAAAG 240  
 ATAATCGTGT ACATCAATTG ATATCTGAAT CTATCGTTGA TGTTTGTAGA GGGGAACTTT 300  
 10 TCCAATTTCA AGACCAATTT AACAGTCAAC AGACAATTAT TAATTATTTA CGACGTATCA 360  
 ATCGCAAAAC AGCACTGTTA ATTCAAATAT CAACTGAAGT TGGTGCAATT ACTTCTCAAT 420  
 CTGATAAAGA GACTGTACGA AAATTGAAAA TGATTGGTCA TTATATAGGT ATGAGCTTCC 480  
 15 AAATCATTGA TGATGTATTA GACTTCACAA GTACCGAAAA GAAATTAGGT AAGCCGGTCG 540  
 GAAGTGATTT GCTTAATGGT CATATTACGT TACCGATTTT ATTAGAAATG CGTAAAAATC 600  
 20 CAGACTTCAA ATTGAAAATC GAACAGTTAC GTCGTGATAG TGAACGCAAA GAATTTGAAG 660  
 AATGTATCCA AATCATTAGA AAATCTGACA GCATCGATGA GGCTAAGGCA GTAAGTTCGA 720  
 AGTATTTAAG TAAAGCyTTG AATTTGATTT CyGaGTTACC aGATGGACaT CCGaGAtCAC 780  
 25 TACYTTTAAG TTTGACGAAA AAAATGGGTT CAAnAAACAC GTAGTATTTA TGnAAAAGTA 840  
 TTGAAAGCGC TTTACCAACC TGTTAATATA TAATAGTAAT ATAC 884

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 186:

30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 6876 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 35 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 186:

40 AATTTTCATCT GTCGTGCAA AATCTTTGTT TTTCCCTTGCT TCATTACGCT CTTCGATTAA 60  
 TTTTTCACAA TCTTCATCCA ATAATTCATC TGCATTTTTTA GATTTTAACG GTACACCTAA 120  
 AACATCGCTG AAAATTTGAT AAAC TGCTTTT AAATTTATCA ATTACTTCTG TTGATGTTGT 180  
 45 GTTCTCTAGT ACATATTTAT TCGCAAGTKT TGCTAAATCA TACCAAGCTG TAATTGCATT 240  
 AGCTGTATTA AAATCATCAT TCATAACTGT TTCAAAACGA TTTAAAATCG CATCAATTTG 300  
 ATCAATATAT GTCTGTTGAT TTTCAATATT AGTAGCAATT TGTGCGCGCT CTTCAATTAA 360  
 50 TTGATAACTA TTGCGAATAC GCTCTAGTcC aCTACGTGCT GATTCTACCA ATTCTAGATT 420  
 ATAGTTAATT GGGCTTCTAT AATGTACGCT AATCATAAAG AATCTTAGTA CATCTGGATC 480

55



	ATTATCAATA TTAATGAAAC CATTATGCAT CCAATAATTA GCAAATGGCG CATGATTATG	600
	TGCTTCTGAT TGTGCTATTT CATTTTCATG ATGTGGAAAT TGTAATCTG AACCACCCGC	650
5	ATGTATATCA ATTGTAGGTC CTAGCTCATG AAATGCCATT ACAGAACATT CTATATGCCA	720
	TCCTGGTCTA CCTTCACCAA ATGGGCTATC CCAACTAATC TCGCCAGGTC CGCTTTTTTC	780
10	CACAATGTAA AATCAAGTGC ATCTTCTTTA TGCTCTCCTG CATCTATACG AGCACCCACT	840
	TTTAAGTCAT CTATGGATTG ATGACTTAAT TTACCATAAC CTTCAAATTT ACGTGTCTA	900
	AAGTAAACAT CGCCACCACT TTCATATGCA TAACCTTGAT CCACCAAATC TTTAATAAAT	960
15	TGAATAATGT CATCCATATG GTCCATTACC CTTGGATTG AAGTCGCTTT TCTAACATTT	1020
	AACGCACCAA CATCTTCATG AAAAGCAGCG ATATATTTTT CTGCAATTTT GGAACAGAC	1080
	TGATTTAATT CTTGAGAACG TTTAATTAAT TTATCATCTA CGTCTGTAAA ATTTGATACA	1140
20	TATTCTACAT TATATCCTTG GTATTCAAAG TAACGTCTCA CTACGTCATA ATTAATTGCW	1200
	GGTCTTGCGT TACCAATATG AATGTAGTTA TATACAGTAG GACCACATAC ATACATTTTT	1260
	ACTTTCCCTG GTTCTATAGG CTTGAACACT TCTTTTTGAC GTGTAAGCGT ATTATATAAT	1320
25	GTAATCATCT TGAATCTCTC CATTCTAGT CTTTTCAAGT TGTCGTTCTA AATGCTTAAT	1380
	TTGTTTCATAA ATTGGATCAG GTAGATGGCG ATGATCAAAT GTTTTTCCAA CTCGAACACC	1440
30	ATCTTGCTTA ACAATATGTC CTGGTATACC AACAAACGTT GAATAACTTG GAACTGATTG	1500
	TAAACAACACT GAATTTGCAC CAATATTTAC ATTTGAATTT ATTTTAATAT TTCCTAAAC	1560
	TTTCGCACCG GCTGCTATTA AAACATTGTC TCCTATATCT GGGTGTCTTT TCCCTCTTTC	1620
35	TTTCCCTGTC CCACCAAGTG TCACGCCTTG ATAGATTGTC ACATTATCAC CAATTGTACA	1680
	TGTTTCTCCT ATTACAACGC CCATACCATG ATCTATAAAT AGACGCTTTC CAATTTTAGC	1740
	ACCTGGATGG ATTTCTATAC CTGTGAAAAA TCTTGAAATT TGAGATATCG CGCGTGCTGC	1800
40	AACATATTTT TTTTGGTTGT ATAACCTATG TGCAATCAAA TGAATCCAAA CTGCATGTAA	1860
	ACCTGCATAC GTTGTAATGA CTTCTAATGT TGAACGTGCC GCTGGATCCT GCTCAAATAC	1920
45	CATTTTTATA TCGTCTCTCA TTCTTTTTAA CAAGATCATT TCCTCCTCAA TGATTGAACT	1980
	ACGTAAATAC ATAATTGAAG TACCTGCGAA ATTAAATATC AAAAAAGCAC CACTAACATA	2040
	CAAATTGTAT TGTTAGAGGC GCTTCCGCAC GGTCCACTC TGAATTTAGC GAATAACATT	2100
50	AATAATATTG CGGGCGCTTC CAAATTATCA AGGAAACTAA GTCAACTTAA TGCTCATCAC	2160
	TCTCATTATA TATTTAATTC ATTTTACGAA GGTGCATTCA TTAATTTCTA CGTTGTACTC	2220
	ACAGCAACCG TACACTCTCT GCATCGTATA AATTTAATTA CTAATCCTTC GTTTTATATA	2280

55

	ATAAAATTCA AGTATATACT ACCTTGATCT TGTCTATTTT ATTACTTATA TTGTTTTAAA	2400
	CGGTTTAGCA CTTTTTCTTT ACCAAGTACT TCAATTGTAT TTGGTAATTC AGGACCATGC	2460
5	ATTTGGCCTG TTACAGCAAC ACGAATAGGC ATAAATAATT GCTTGCCTTT TATTCCTGTT	2520
	TCTTTTTGAA CTTCTTTAAT TGTCTTTTTA ATTTAGCCG CTTCAAATGG TTCAAGTGCT	2580
	TCTAATTTAC TGAATAAGTG CGTCATTAAC TCTGGTACTT GCTCTCCATT AATCACTTGT	2640
10	TGTTCTTCTT CACCAAGAGC TGGCATTCTT TTAAAGAACA TTTCTGATAA AGGTACAATT	2700
	TCACCGGCAT AACTCATTTT TTTTGTATA AGCGCAATTA ATTTGCGTCC CCAAGATAAA	2760
	TCCTCTTCTG ACGGCACCTC AGGAATCAAA TTTGCTTTAA TTAAATGAGG TAATGCTAAT	2820
15	TGGAATACTG TTTCAAGTATC TTTTGTCTT ATATATTGGT TATTAACCCA TGCTAATTTT	2880
	TGCTTATCGA AAAATGCTGG TGATTTTGAC AAACGCTTTT CATCAAAGAT TTTGATAAAT	2940
20	TCTTCTTTAG AAAAGATTTT TTCTTCACCT TCAGGAGACC AACCTAATAA CGCAATAAAA	3000
	TTAAATAACG CTTCAAGGTAA ATAACCTAAG TCACGATATT GCTCAATAAA TTGTAAAATT	3060
	TGCCCATCAC GTTTACTTAA CTTTTTACGT TCTTCATTAA CAATTAATGA CATATGACCA	3120
25	AAACGAGGTG GCTCCCAGCC AAATGCTTCA TAAATCATAA TTTGTTTAGG CGTGTTTGAA	3180
	ATATGATCAT CACCACGAAT TACATCTGAA ATTTGCATGT AATGATCATC TATAGCTACT	3240
	GCAAAATTGT ACGTTGGAAT GCCATCTTTT TTTACGATAA CCCAGTCACC AATACCATTT	3300
30	GAATCAAATG AAATATTTCC TTTTACCATA TCATCAAATG AATACGTTTG GTTTTGAGGT	3360
	ACTCGGAAAC GAATTGATGG TTGGCGTCCT TCTGCTTCAA ATTGTTGACG TTGTTCTTCA	3420
35	GTCAAATGCG CATGTTGACC ACCATAGCGA GGCATTTTAC CACGAGCGAT TTGCGCTTCA	3480
	CGTTCAGCTT CTAATTCTTC TTCTGTCATA TAGCATTTAT ATGCTTTATC TTCTGCTAGT	3540
	AACTGATCTA TTAATGGTTG GTAGATATGT TGACGTTTCA ATTGACGATA TGGTCCGTAG	3600
40	CCATTGTCTT TATCTACAGA CTCATCCCAA TCTAATCCTA ACCATTTAAG ATTATCAAAT	3660
	TGTGATGTTT CTCCATCTTC TAAATTACGT TTTTATCAG TATCTTCAAT TCGAATCACA	3720
	AAATCTCCGT TGTAATGTTT AGCATACAAG TAATTGAATA ATGCTGTTCT TGCATTACCA	3780
45	ATATGAAGAT ACCCAGTTGG ACTTGGTGCA TATCTTACTC TTATACGATC GCTCATTTTT	3840
	TTCACTCCTA AATTAAATAT CAGATTTTCA AGTTAGTTCA TATAAATTGT TCATTTGCTA	3900
	TCTTCGACCG TCATAACAAA TGTCTAACTC GTCTTATTGT TAAAACGAAA CAATGCTTTT	3960
50	TAACATGACC TTAAAATAAT TTCATTGTTT AATCATAACA TAATCCCTG GGTAATATGC	4020
	TTAAATTTTA AATAGAAAGC TGTGTTTTT TCAACACTTT AAAAAAGCTA TCCCTAAGAA	4080
55		

	TTAAACTTCA AATTAACAT TCAAATACGT TAAAATTGAT TCTAATTTTG TATGTCTTGA	4200
	TTGCTATAAG AATAACTTTA TTAATATCTA AAATTTAACA CTTAATGAAC TTGTTTCAAT	4260
5	GATATATTAG CACTATTTGT ATTTTTTGAT AACTAATATG TTTTGCATTT ATTTATAGTT	4320
	ATACTTCAAA TTACAAACTC CGCCATTTCA TATACCTTTT AATATCTATT TTGTTTTCGT	4380
10	CAACTACAGT TTTTATAATG ATACTGTATC TTCGATTTTT TTAGCAAAAA CAATTCTTCC	4440
	TGAAGATGTT TGCAATAAGC TGACTACTTC TAAATTGACA TGACTGCCAA TAAGATTTTT	4500
	AGCATTATCA ACAACTACCA TCGTACCATC ATCTAGATAT CCTACTGCCT GACCAGGCTC	4560
15	CTTACCCATT TTTGTCAGTA AAATATGCAG TTGATCACCT TGATGTACAT TAGGTTTGAT	4620
	TGCTTCTGAT AAATCATTAA CATTTAATGC TTTGATACCA TGTACATGAC AACTTTTATT	4680
	TAGGTTGAAA TCTGTCGTTA TAATACCTGC ATGATATTGT TTTGCTAATT TTAATAACAT	4740
20	CGTATCAATA TCACTATGTG TTTTAGTTGG ATGTATAACC TTTGTAGGAT AGTCTAAATC	4800
	ATACAATTCA TTTAAAATAT CTAAGCCTCT TTTACCCTTT TCaCGTTTAA CACTGTCATT	4860
	TGAATCTGCA ACAATTTGTA ATTCATTAAT AACACCTTGT GGAATTAAAA TATTGCCATC	4920
25	GATAAAACCG CAACGAATGA CTTCTAAAAT ACGACCATCA ATAATTGCGC TTGTGTCGAT	4980
	AATTTTTGGC GTAgCaCTTT TaGTATGTTG TGACATGGAA CGCGCTATAT TCTCAGGTAA	5040
30	AAACATTAAC ATTTCACTCTC GTTTTTTAAG GCCAAATTGG AAACCGAAAT AACATAGTAA	5100
	TATCGTAATT ATGACAGGAA TGAAATGATT AAAAATAGAG TTGCCAATTG ATTCTAATAT	5160
	AAACGACACC ATAACAGAAA TAAGTAATCC GATTATTAAA CCTATTGTTG CGAATAGTAT	5220
35	TTCAACAGCA CTTCTACGCA TAATAAAATG TTCTAAACCT TTTATAGCGT TAGTAACTCG	5280
	TCTAATAAAT ACACCAAAAA TTAAGAACAT AAAAATACTA CCGATAATGC CATCTACATA	5340
	GTGATTTTTT AAAAAGCTGG AGTTTTGTAA TCCAAGATCA TTTGCAATTT CAGGAATAAT	5400
40	AATTATTCCT AATGCGCTCC CAATAATTAA GTAAATAATA ATAACCATTA GTTTAACGAT	5460
	ATTCACACAA TGTCTCCTT TCTTGATGTT TTATGAATGA AGAGCAAATG ACAATACTTC	5520
	ATGTACAGTA GTTACACCTA TTAATTGTAT ACCTTCAGGA TATGTCCATC CGCCTATATT	5580
45	ATTTTTAGGA ATAATTACAC GTTTGAAACC TAGTTTTGCA GCCTCTTGCA CGCGTTGTTC	5640
	TATCCGAGAT ACACGACGTA CCTCACCCGT TAAACCAACT TCTCCAATAT AGCAATCTAA	5700
50	TCCGTCGACA GCTTTATCTT TAAAGCTAGA TGCAGTTGCT ACAATTACAC TTAAATCAAC	5760
	TGCTGGCTCC GTTAACCTTA CACCGCCAGC TACTTTGATA TAAGCATCTT GTTGTTGTAA	5820
	TAGATAATTT TCTTCTTTT CCAAAACAGC CATCAACAAA CTTAATCGAT TATGATCAAT	5880
55		

TATTAAAAGT GGTCTGGTTC CCTCCATGGT TGCAACAATT GTTGAACCTG GAACATTTGT 6000  
 TGAACGTTCT TCTAAAAACA TTTCAGATGG ATTATTTACA CCTTTTAATC CACTTTGCTT 6060  
 5 CATTTCGAAG ATTCCcATTT CATTCGTTGA ACCAAAACGG TTTTAAACAG CTCGCAAAAT 6120  
 TCGATATGCG TGGTGTTCAT CGCCTTCAAA ATAAAGCACA GTATCaACCA TGTGTTCTAG 6180  
 CAATCTTGGG cCCAGCAATT TGACCTTCTT TCGTTACATG ACCCACTATA AAAGTTGCaA 6240  
 10 TGTTCATTTG TTTAGCAATA TTCATTAAAC TTTGTGTACT TTCACGAACT TGTGAAACAG 6300  
 AACCTGGCGC AGAGCTGATT TCAGGATGAT ATATTGTTTG AATCGAATCC ACTACTAATA 6360  
 AATCAGGTTG TTCTTCTTTT ACTGTTTGAT AAATAACTTC AAGATCTGTT TCAGCTAATA 6420  
 CTTGCAATTC ACTTGAATCT TCATCTAATC GCTCTGCACG TAATTTAGTC TGAATAAGCG 6480  
 ATTCTTCTCC AGTAATATAT AGTACTTTTT TCTTTTGAGA TAACGATGCA CAAATTTGTA 6540  
 20 AAAGTAACGT TGAATTACCA ATACCTGGAT CCCCAACCAAT AAGTACTAAC GATCCGCTCA 6600  
 CAATACCTCC ACCTAATACA CGGTTGAATT CTGCTGAATC TGTTAACTACT CTCGGCGTTG 6660  
 TTTCAATGTTT AATACTATTT AATTTTGTGTA CTTTACCTGC TAATTCCTTG GTTTTAACTC 6720  
 25 CATGTTTAGG ATTGGCTGCT TTTTCAACAA TTTCCTCCAT TTGATTCCAA GCGCCACAAT 6780  
 TAGGACATTT CCCCATCCAT TTAGGAGATT GATAACCACA AGCCATACAT TCAAAAATCA 6840  
 CTTTTTTCTT GGCCArAATT GCAcCTCCAC TTTCTT 6876

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 187:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1193 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 187:

CAACTCAAAC AGCAGAACAA CGTCGTGAGT TGATTAATGG TGTATTTACT GACATTAATC 60  
 CCATACATTA AAAATATGAT GTACGTGTTA GCAGATAATA GACATATCTC ATTAATAGCT 120  
 45 GACGTATTCA AGGCGTTCCA AAGCTTATAT AACGGACACT ACAATCAAGA TTTTGCAACA 180  
 ATTGAGTCAA CATATGAATT GAGTCAAGAA GAGTTAGATA AGATTGTCAA ACTAGTAACT 240  
 CAACAAACGA AGTTATCTAA AGTTATTGTA GATACAAAAA TTAATCCAGA TTTAATTGGT 300  
 50 GGATTTAGAG TTAAAGTCGG CACAACTGTA TTAGATGGTA GTGTTAGAAA TGATCTTGTC 360  
 CAATTACAAA GAAAATTTAG AAGAGTTAAT TAATTATAAA GAGGAGTGAC ATAGATGGCC 420

5 ATGTCCGTAA CTGATGTAGG TACTGTATTA CAAATTGGTG ATGGTATTGC ATTAATTCAC 540  
 GGATTAAATG ACGTTATGGC TGGTGAGCTA GTAGAATTCC ATAACGGCGT ACTTGGTTTA 600  
 10 GCCCAAAACC TTGAAGAGTC AAACGTGGGT GTGGTTATTT TAGGACCATA CACAGGTATT 660  
 ACTGAAGGTG ACGAAGTTAA ACGTACTGGT CGTATCATGG AAGTACCAGT AGGTGAAGAA 720  
 CTAATCGGAA GAGTTGTTAA TCCATTAGGA CAACCTATTG ATGGACAAGG ACCGATTAAC 780  
 ACAACTAAAA CACGTCCaGT AGAGAAAAAA GCTACTGGTG TAATGGATCg TAAATCAGTA 840  
 GATGAGCCAT TACAAACAGG TATCaAAGCA ATTGATGCTT TAGTACCAAT TGGTAGAGGT 900  
 15 CAACGTGAGT TAATCATCGG TGACCGTCAA ACAGGTAAAA CAACAATTGC AATTGACACA 960  
 ATTTTGAACC AAAAAGATCA AGGTACGATT TGTATCTATG TTGCTATTGG TCAAAAAGAT 1020  
 TCAACAGTAA GAGCAAATGT TGAAAAGTTA AGACAAGCAG GCGCTTTAGA CTACACTATT 1080  
 20 GTTGTAGCAG CATCAGCTTC TGAACCTTCT CCATTATTAT ATATTGCACC ATATTCAGGT 1140  
 GTAACAATGG GTGAAGAATT CATGTTTAAC GGTAACATG TTTTAATCGT TTA 1193

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 188:

- 25 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 5549 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 30 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 188:

35 TGCTAAGAAG TCAAAATAAA CTAActATna AACATCTAGT ACGATTATTA AAGTGACAGA 60  
 TnATAAAATT GAATTATTna GAGAAGGAGA TATAAAGTTT GAAGAAATAA AAGAAAGACT 120  
 AGGTAcAGGT ATTATTTATG AATAAGTTAA TACTTGGGAT TTATTTATAC CGAATTTTTT 180  
 40 CACGAGCATA CTTTTATTTA CCGTTTTTAT TAATTTACTT TTTGATTCAA GGTTATTCCA 240  
 TAATACAATT AGAAATATTA ATGGCGTCTT ATGGCATTGC AGCATTTTTA TTCTCTCTAT 300  
 ACAAGAGAGAA GTGTTTTTAAA ATTTGTAAct TAAAAGATTc TAATAAATTA GTTGTTAGTG 360  
 45 AAATATTCAA AATCATCGGT TTATTGTTGT TATTATATCA AAATCAATAT TTAATTTTAG 420  
 TAGTGGCACA AATATTATTA GGGTTAAGTT ACTCAATGAT GGCGGGTGTT GATACCGCAA 480  
 TAATTAAAAG AAATATAACA AATGAGAAAT ACGTACAAAA TAAGTCAAAT AGCTATATGT 540  
 50 TCCTATCATT ATTAATTTCA GGGATTATAG GTAGTTATCT TTATGGAATA AATATTAAAT 600  
 GGCCTATAAT AATGACTGGT ATATTTTCAA TTCTAACAAT TATAATTATT CGATGCACAT 660

55



	TACCAGAAGA GAAGTTTTGG ATATTGCATT ATTCTTTTTT AAGAGCGTTA ATATTAGGAT	780
	TTTTTATAGG ATTTATTCCA ATTAATATAT ATAATGATTT AAAACTGAAT AATTTACAAT	840
5	TTATTTTCAGT ATTAACCTGT TACACAGTTA TGGGTTTTGT ATCTTCACGT TATTTAACTA	900
	AATACTTGAA TTATAAGTTT GTGTCAGAAA TTTGTTTAGT AATATTTTTA ATAATATATA	960
10	CATATCAAAG TTTCATAGCA GTTACTATTT CTATGATATT TTTAGGTATT TCTTCAGGGT	1020
	TAACTCGTCC ACAAACCTATA AATAAACTTT CTAGCAGTAG TAACTTAAGA GTGATGCTTA	1080
	ATTATGCAGA AACGTTATAT TTTATTTTTA ATATCGCATT TTTACTTATG GGTGGTACT	1140
15	TATATACAAT AGGAACTATT CAATACTTAA TATTATTTAT TTCGTTATTA ATTTTTATAT	1200
	ATTTAATAAT AATATTTYAT TTTACAAGGA GAGAGCAACA TGAAAATAAA AACTGAATTT	1260
	AAAGGGAACA ATATACCATA TGAATACGCA GCAGGTGCAG ATGTGAGTGA TTCTATTAAC	1320
20	GGGAATCCAA TTAAGTCATT TCCATTTGAA GTAATTGAAT TACCGGAAGG GACTAAATAT	1380
	CTTGCTTGGT CTTTAATTGA CTATGATGCA ATTCCTGTAT GTGGCTTTGC TTGGATTCAT	1440
	TGGAGTGTAG CTAATGTAAG TGTTAGTGGC AATTCAATTT CTATAAAAGC AGATTTATCA	1500
25	AGAACAAAGG GCGACTATGT ACAAGGTAAA AATAGCTTTA CTAGTGGGTT GTTGGCTGAA	1560
	GATTTTTTCAG AAATAGAAAA TCACTATGTA GGACCTACAC CACCTGATCA AGATCATCAA	1620
30	TATGAATTAA CAGTTTATGC GTTAGATCAT TCTTTAAATT TGAAGAATGG GTTCTACTTG	1680
	AATGAATTTT TAAAAGAAGT AAATCAACAT AAAATTGATC AAACAAGTAT TAACCTTATA	1740
	GGAAGAAAAA TTTAATACTA AATATCTCAT CAATATAAAA TTGTTCAATT AAAAGTACAA	1800
35	AGAAACAAAG GTTTTAATTT ATATATTAGG TACGGCGTTC GCTATAATGC AAAGAAGTAA	1860
	TTAAATTTAA GAAATGTAAA CTTAGTTATT GTAATGTGAA TTTATTTGAA AAAATAGAAA	1920
	GTATTAACAA TTATAGCTTT TACATTAATT AAAATTTATT TTTAAAAACA AGTAAACAAT	1980
40	TTACATACTT ATAATTTTTG AAAATTTTCA ATTTGTGTTA TATTGATTTT GTAAGATACT	2040
	TTAACTCACA AAGGAGAGAG AGTATATGAA ATTAAAATCA TTTATAACTG TAACTTTGGC	2100
	ACTGGGCATG ATCGCAACGA CTGGCGCTAC TGTGGCAGGT AATGAGGTAT CTGCAGCAGA	2160
45	AAAGGACAAA CTACCGGCAA CTCAAAAAGC TAAAGAAATG CAAAATGTTC CATATACAAT	2220
	TGCAGTAGAT GGCATTATGG CTTTCAATCA ATCTTACTTA AATTTACCAA AAGATAGCCA	2280
50	ATTATCATAT TTAGATTTAG GAAATAAAGT TAAAGCTTTG TTATATGATG AACGCGGTGT	2340
	AACACCTGAG AAGATTCGAA ATGCAAAATC TGCCGTTTAC ACGATTACTT GGAAAGATGG	2400
	TAGTAAAAAA GAAGTGGATC TTAAGAAAGA TAGCTACACA GCAAACCTGT TTGATTCAA	2460

55

	CAACATGAAG	CATTTAATTT	TACAGTGATG	ATTATAAAAT	AATTGCCTTG	ATACAAAGAT	2580
	TACTCGTAAA	TGACATCTTT	GTATTAAGGC	TTTTTCTAAA	TTTAAAGTG	ATGGGTTAGA	2640
5	GGTCATTGAG	CTTTAAAATA	TTCAAATAC	AAAACATTAA	TGGCCAAAAA	TAAAAGCCGC	2700
	CTTTATCTGG	GCAGCTTCAA	TAATAAGAAA	GACATATTTT	ATTTTATACT	AAATAGTTAT	2760
	TGTGATGAAT	CTTTCGGCGG	TTTAATTACT	GCAGCAAAAA	TTGCTGTGAA	AATCGTGAAC	2820
10	AATACTGCCA	TGATAATTGG	ATTCACTACA	TTTAAGCTGT	CTCCACCTAC	TAGGCTATTA	2880
	AGTACAAAGT	TAACCATTTG	CATTAATAAT	AATGCCCAAA	AGAATGTTAC	GAGGTGTTTC	2940
15	ATGTCATTCT	ACCTCCACTT	TAATTATATA	TATTTTATTT	TAAGTGAAAG	TTAGAAATTT	3000
	GTATAGTAAC	ATCTCATATA	TTTTGACCAT	ATTATACAGT	TTAAATAAAT	GATTTTATCT	3060
	GAATGGCTAT	TCTAAATTAA	GCGCATTAAA	ACCAATTTCA	TACTGAAATT	TGACGATAAT	3120
20	AAAGCATTAA	AATTTTATTA	ACTAGTCAAT	ATTCCTACCT	CTGACTTGAG	TTTAAAAAGT	3180
	AATCTATGTT	AAATTAATAC	CTGGTATTAA	AAATTTTATT	AACAAGGTGT	TCAACTATGA	3240
	ACGTGGGTAT	TAAAGGTTTT	GGTGCAATG	CGCCAGAAAA	GATTATTGAC	AATGCCTATT	3300
25	TTGAGCAATT	TTTAGATACA	TCTGATGAAT	GGATTTCTAA	GATGACTGGA	ATTAAAGAAA	3360
	GACATTGGGC	AGATGATGAT	CAAGATACTT	CAGATTTAGC	ATATGAAGCA	AGTTTAAAAG	3420
	CAATCGCTGA	CGCTGGTATT	CAGCCCGAAG	ATATAGATAT	GATAATTGTT	GCCACAGCAa	3480
30	CTGGaGATAT	GCCATTTCCA	ACTGTCGCAA	ATATGTTGCA	AGAACGTTTA	GGGACGGGCA	3540
	AAGTTGCCTC	TATGGATCAA	CTTGCAGCAT	GTTCTGGATT	TATGTATTCA	ATGATTACAG	3600
35	CTAAACAATA	TGTTCAATCT	GGAGATTATC	ATAACATTTT	AGTTGTCCGT	GCAGATAAAT	3660
	TATCTAAAAT	AACAGATTTA	ACTGACCGTT	CTACTGCAGT	TCTATTTGGA	GATGGTGCAG	3720
	GTGCGGTTAT	CATCGGTGAA	GTTTCAGATG	GCAGAGGTAT	TATAAGTTAT	GAAATGGGTT	3780
40	CTGATGGCAC	AGGTGGTAAA	CATTTATATT	TAGATAAAGA	TACTGGTAAA	CTGAAAATGA	3840
	ATGGTCGAGA	AGTATTTAAA	TTTGCTGTTA	GAATTATGGG	TGATGCATCA	ACACGTGTAG	3900
	TTGAAAAAGC	GAATTTAACA	TCAGATGATA	TAGATTTATT	TATTCCTCAT	CAAGCTAATA	3960
45	TTAGAATTAT	GGAATCAGCT	AGAGAACGCT	TAGGTATTTT	AAAAGACAAA	ATGAGTGTTT	4020
	CTGTAAATAA	ATATGGAAAT	ACTTCAGCTG	CGTCAATACC	TTTAAGTATC	GATCAAGAAT	4080
	TAAAAAATGG	TAAAATCAAA	GATGATGATA	CAATTGTTCT	TGTCGGATTG	GGTGGCGGCC	4140
50	TAACTTCGGG	CGCAATGACA	ATAAAATGGG	GAAAATAGGA	GGATAACGAA	TGAGTCAAAA	4200
	TAAAAGAGTA	GTTATTACAG	GTATGGGAGC	CCTTTCTCCA	ATCGGTAATG	ATGTCAAAAC	4260
55							

TGAACCTTAT AGCGTTCACT TAGCAGGAGA ACTTAAAAAC TTAAATATTG AAGATCATAT 4380  
 CGACAAAAAA GAAGCGCGTC GTATGGATAG ATTTACTCAA TATGCAATTG TAGCAGCTAG 4440  
 5 AGAGGCTGTT AAAGATGCGC AATTAGATAT CAATGAAAAT ACTGCAGATC GAATCGGTGT 4500  
 ATGGATTGGT TCTGGTATCG GTGGTATGGA AACATTTGAA ATTGCACATA AACAATTAAT 4560  
 GGATAAAGGC CCAAGACGTG TGAGTCCATT TTTCGTACCA ATGTTAATTC CTGATATGGC 4620  
 10 AACTGGGCAA GTATCAATTG ACTTAGGTGC AAAAGGACCA AATGGTGCAA CAGTTACAGC 4680  
 ATGTGCAACA GGTACAAATT CAATCGGAGA AGCATTTAAA ATTGTGCAAC GCGGTGATGC 4740  
 AGATGCAATG ATTACTGGTG GTACAGAAGC ACCAATTACT CATATGGCAA TTGCTGGTTT 4800  
 CAGTGCAAGT CGAGCGCTTT CTACAAATGA TGACATTGAA ACAGCATGTC GTCCATTCCA 4860  
 AGAAGGTAGA GATGGTTTTG TTATGGGTGA AGGTGCTGGT ATTTTAGTAA TTGAATCTTT 4920  
 20 AGAATCAGCA CAAGCTCGAG GTGCCAATAT TTATGCTGAG ATAGTTGGCT ATGGTACTAC 4980  
 AGGTGATGCT TATCATATTA CAGCGCCAGC TCCAGAAGGT GAAGGTGGTT CTAGAGCAAT 5040  
 GCAAGCAGCT ATGGATGATG CTGGTATTGA ACCTAAAGAT GTACAATACT TAAATGCCCA 5100  
 25 TGGTACAAGT ACTCCTGTTG GTGACTTAAA TGAAGTTAAA GCTATTAAAA ATACATTGG 5160  
 TGAAGCAGCT AAACACTTAA AAGTTAGCTC AACAAAATCA ATGACTGGTC ACTTACTTGG 5220  
 TGCAACAGGT GGAATTGAAG CAATCTTCTC AGCGCTTTCA ATTAAAGACT CTAAAGTCGC 5280  
 30 ACCGACAATT CATGCGGTAA CACCAGATCC AGAATGTGAT TTGGATATTG TTCCAAATGA 5340  
 AGCGCAAGAC CTTGATATTA CTTATGCAAT GAGTAATAGC TTAGGATTCTG GTGGACATAA 5400  
 CGCAGTATTA GTATTCAAGA AATTTGAAGC ATAACTATAA nAATCTTCAG TAACGTTGTT 5460  
 35 TTAGTTACTG AAGATTTTTT CaGTTTCTTT ATACTAAGAT GAGCGACaCa CAATCGTCAT 5520  
 AATAAATAT GAATATTTAT TAATAATAA 5549

40 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 189:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 4832 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - 45 (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 189:

50 AGATTATAGT AAGATTGATA GTTTGGCGAC TGaAGCgCGa GaAAAATTAT CAGaAGTAAA 60  
 mCCTTTAAAT ATTGCACAAG CTTCTAGAAT ATCAGGGGTA AATCCAGCAG ACATATCTAT 120

55

	TGGTTAGCAG	AACAATTAAA	AGAACATAAT	ATTCAATTAA	CTGAGACTCA	AAAACAACAG	240
	TTTCAAACAT	ATTATCGTTT	ACTTGTTGAA	TGGAATGAAA	AGATGAATTT	GACAAGTATT	300
5	ACAGATGAAC	ACGATGTATA	TTTGAAACAT	TTTTATGATT	CCATTGCACC	TAGTTTTTAT	360
	TTTGATTTTA	ATCAGCCTAT	AAGTATATGT	GATGTAGGCG	CTGGAGCTGG	TTTTCCAAGT	420
10	ATTCCGTAA	AAATAATGTT	TCCGCAGTTA	AAAGTGACGA	TTGTTGATTC	ATTAAATAAG	480
	CGTATTCAAT	TTTTAAACCA	TTTAGCGTCA	GAATTACAAT	TACAGGATGT	CAGCTTTATA	540
	CACGATAGAG	CAGAAACATT	TGGTAAGGGT	GTCTACAGGG	AGTCTTATGA	TGTTGTTACT	600
15	GCAAGAGCag	TAGCTAGATT	ATCCGTGTTA	AGTGAATTGT	GTTTACCGCT	AGTTAAAAAA	660
	GGTGGACAGT	TTGTTGCATT	AAAATCTTCA	AAAGGTGAAG	AAGAATTAGA	AGAAGCAAAA	720
	TTTGCAATTA	GTGTGTTAGG	TGGTAATGTT	ACAGAAACAC	ATACCTTTGA	ATTGCCAGAA	780
20	GATGCTGGAG	AGCGCCAGAT	G TTCATTATT	GATAAAAAAA	GACAGACGCC	GAAAAAGTAT	840
	CCAAGAAAAC	CAGGGACGCC	TAATAAGACT	CCTTTACTTG	AAAAATAATG	CATAATCCTT	900
	TACAACTAAC	ATAAAAGGAG	CGAATGGATA	ATGAAAAAAC	CTTTTTCAAA	ATTATTTGGT	960
25	TTGAAAAACA	AAGATGACAT	CATTGGACAT	ATTGAAGAAG	ATCGCAATAG	TAATGTTGAA	1020
	TCCATTCAAA	TTGAACGTAT	CGTTCCCAAC	CGTTATCAAC	CAAGACAGGT	GTTTGAACCA	1080
30	AATAAAATTA	AAGAACTTGC	TGAATCAATA	CATGAACATG	GTTTACTACA	ACCTATTGTT	1140
	GTAAGACCGA	TTGAAGAAGA	TATGTTTGAA	ATTATTGCTG	GAGAGCGCCG	ATTTAGAGCA	1200
	ATACAATCAC	TAAATTTACC	TCAAGCAGAC	GTTATTATTC	GTGATATGGA	TGATGAAGAG	1260
35	ACGGCTGTTG	TTGCATTAAT	TGAGAATATT	CAAAGAGAAA	ATTTGTCTGT	TGTTGAAGAA	1320
	GCGGAAGCCT	ATAAGAAATT	ATTGGAAATT	GGTGATACAA	CGCAAAGTGA	ATTGGCAAAA	1380
	AGTTTAGGTA	AAAGTCAAAG	CTTTATTGCA	AATAAGTTGC	GTTTATTGAA	GTTGGCGCCG	1440
40	AAAGTACTAC	TTCGCTTAAG	AGAAGGTAAA	ATTACTGAAC	GTCATGCGAG	AgcGGtATTA	1500
	TCATTGTCTG	ATAGCGAACA	AGAAGCGTTG	ATTGAGCAAG	TCATTGCACA	AAAGCTAAAT	1560
45	GTGAACAGAC	TGAAGATAGA	GTACGCCAAA	AAACGGGGCC	CGAAAAAGTC	AAAGCACAAA	1620
	ACCTTCGCTT	TGCACAAGAT	GTCACTCAAG	CACGAGATGA	GGTAGGCAAA	AGTATCCAAG	1680
	CGATTCAACA	AACAGGATTA	CATGTTGAGC	ATAAAGACAA	AGATCATGAA	GATTATTATG	1740
50	AAATAAAAAT	TCGAATATAT	AAACGTTaGT	AGTAGGATGT	CGTATACATG	ATGACTAACA	1800
	CATAAAAGAC	AAAGCTAAGA	TCATAACAGC	TTTGTCTTTT	TTTTTTGTTT	TACGTGAAAC	1860
55	ATAAAAATTT	ATATTTATAT	GTTGATCAGG	CTGGTACATA	AATCAATGTT	CTATGCTCTA	1920

	TTCTAGTCAA CCTTGCTGGG GTGGGACGAC GAAATAAATT TTGCGAAAAT ATCATTCTG	2040
	TCCCACTCCC TAATTTGAGC TGGATATACT TTCATTTGAA CCCTTTATTG CTAGTTTATG	2100
5	AAAGTATCAT GAAAGCTTTA TGAACATCGC TTGAGTTGCC TTTACAGTAG AAAATTTAAG	2160
	TTTTACACTT TGTGTGAATG ATACGTTTTG TATTGAATTA ATTATAGAAA GGTACGTTGA	2220
	AGATGTTTTT AATTGGAAGT GCAATTCTTC ATTTTGTTCAT TGGTGGTATC GCTGTTGCAT	2280
10	TAGCTTCAAT TATTGCTGAT AAGGTAGGTG GTAAGTTAGG AGGTATTATA GCTACTATGC	2340
	CGGCAGTCTT TCTTGCGGCT ATTATCGCAT TAGCTTTAGA TCATCGTGGT ACGCAATTAG	2400
	TGGAGATGTC GATGAATCTT AGTACTGGAG CAATTGTCCG TATTCTGTCT TGTATATTAA	2460
15	CTGTATTTTT GACATCTCTC TACATTAAGC ATAAAGGTTA TCGGAAAGGC GCAATATTCA	2520
	CAGTTGTTTG TTGGTTTGTC ATTTCCCTCG CAATATTCAG TATTAGACAT TTATAGTTTG	2580
20	GAAAATGCGT GATAATTAGT TGTATTCAGT TATTAAGTAA TAAATTATTG GAGGCAGAAC	2640
	ATCATGAAAT TAACATTAAT GAAATTTTTT GTGGGGGGAT TTGCAGTATT ATTAAGTTAT	2700
	ATTGTATCTG TAACACTACC TTGGAAAGAA TTTGGCGGTA TATTTGCaAC GTTCCGGCA	2760
25	GTATTTTTAG TGTCTATGTT TATTACAGGT ATGCAATATG GTGATAAAGT CGCTGTGCAT	2820
	GTAAGTCGTG GCGCAGTGTT TGGTATGACA GGGGTATTAG TTTGTATTTT AGTTACATGG	2880
	ATGATGTTAC ATATGACGCA CATGTGGTTG ATTAGCATTG TTGTTGGTTT CCTAAGCTGG	2940
30	TTCATCAGTG CAGTATGTAT TTTTGAAGCG GTAGAATTTA TAGCACAAAA AAGATTAGAA	3000
	AAGCATAGTT GGAAAGCTGG AAAATCGAAT AGTAAATAGT GTGAACGTAA TCTCTTAACT	3060
35	AGGACTAACT TTGCAAGCAT TGAATAGCAT GGAAAAGTTG CATCATTAAT AAGTGAAATT	3120
	CAAGTTGGCA TTGAGAAAAT TACAAGCGCG TAATCATACa GGTCTGTCTT AAGGGAGTCT	3180
	TCGAACCCCG ATGTTGTCGT ATGTCAAAAC ATTTAGTCAA TCATAAAGGT GACTTGATTT	3240
40	AACTTTATCT GATAGTCTGA TTGTAATGAT TGTACTAATT GACTGGAGGC GTATGTAATT	3300
	GAATCTGAGT AAACAAATTA AAAAGTATAG GGAACGAGAT GGTATTTCAC AAGAATATCT	3360
	TGCTGAAAAG TTATATGTAT CTAGGCAGAG TATTTCTAAT TGGGAAAATG ACAAAGCTT	3420
45	ACCAGACATA CATAACTTAT TAATGAYGTG TGAATTGTTT AATGTAACTT TAGATGATTT	3480
	AGTAAAAGGG ACCATTCCAT TTGTACCTGA TATTAAAGCG CAACGAAGTC TTAACCTTATG	3540
	GACATATGTG ATGCTTATTT TCATGACATT AGCTGCAATT TTAATGGGAC CTTTAGTTGT	3600
50	TTATTGGAAT TGGACTTGGG GTGTAACGGT GGCAATCATT TTGGGAATAG GTTTTTATGC	3660
	ATCTATGAAA ATAGAAGATT TAAAAAAGT GCATAAAATG GACAACTACG ATCGAATTGT	3720

55



5 GACAAATGCG CTTTCTATTA TATCAGTAAT TGGTATACTC AGCCTCATAA TTTTCCTTAG 3840  
 TGTGTATTTG GCAAATAAGT TTTTATAAAT CATCGTGGTA TCGTCTCATA TTATTTATAT 3900  
 10 TATCCAAAAT AGCATAAAAA AATACCAACA AGATTTAGAA CCTTGTTGGT AATCAAAGCG 3960  
 aTTCATTTAT AATGAGTCGT TTTATGTTGT AAGATTAAAC AGTTTGTACG TTAAGTCTT 4020  
 GGTCTCCACG TTGACCTTCA GTGATTTTCA AAGTAACTTT TTGACCTTCT TCTAAAGTTT 4080  
 15 TGTAGCCATC GCTAGCGATA CCTGAGAAAT GTACGAATAC GTCTCCGCCA TTTTCTTGTT 4140  
 CGATGAAACC AAAACCTTTT TCTGCTTTAA ACCATTTWAC TGTACCGTTA TTCATATWGA 4200  
 AwACCTCCGT gTGCTTTTGC ACTTAATATT TGTAACAAAT TCATAACTAA AAAAGAGGAT 4260  
 ATTCTAAACA AATACACTAC AATTTAATTC ACGAGCTTTT ATTACGTAAG ACCAACTATA 4320  
 CGCTCATATT GGCATAATGT ACAGTGTTTT TTGAAAATAA ATTAAAAAAG ATTTTTAAAA 4380  
 20 ACCTTAGAAA CGTTGATTTA AAGGGGTTTA TAAAAATWAW AAAATTGTAG TCTTTTATGG 4440  
 TGTTTGCTAG TTTTCAAAGT GACATATCGT TTAAACATGA TGATTTTATA AGCAATCCAT 4500  
 AAAAAACAAG CAGCGATAAA CGCTACTTGT TGATATTAAA ATCTGACTTG AAAGGTCATA 4560  
 25 GCAATGTTCT ATACCGATGG AATGTGCTTA CTTGCCTTTT TCTTCACGAC GTTTTAAATA 4620  
 ATAAGAGCCA CCTAATAAAC CAGCTGGAAT GCCTATCATT GGTGTTGTGA ATGAGCTTAA 4680  
 TACAATAACA AGTATTGTTA AAGCAATGAC GTTATACCAA GTTACAGTCA AATTTTTCOA 4740  
 30 ATCCTCATAT GATTGTTTAA CTAATTCTCT AAATTTTCATG ATTCAATCTC TCCTTTTSTA 4800  
 TAAATCTTAA GATTGTCAAA TTAAGCTGGA CA 4832

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 190:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5727 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 190:

45 CAAAGCTGTT CAAAAGGCTT ATAATTTAAA TTTAGATAAC ATACGTACAA TGGAACCTAA 60  
 GTTGAGATAT CAAGCGATCA ATAAAGGTAA TATTAATTTA ATAGATGCAT ATTCAACTGA 120  
 CGCTGAATTA AAACAATATG ATATGGTTGT GTTAAAAGAT GATAAGCACG TATTTCCACC 180  
 50 ATATCAAGGA GCACCATTAT TTAAAGAAAG CTTTTTAAAG AAACATCCAG AAATTAAGAA 240  
 ACCGTAAAC AAAC TAGAAA ACAAATATC TGATGAAGAT ATGCAAATGA TGAACATAA 300



	GTTAATCAAA TAACGACCAA CGCCACATAA GATGCGTAAC ACCAAATTAT ATCTTATGTG	420
	GCGTTGTTAT ATTTAAATCT ATAATTATGT TCAATTTAAA CATGCAATAA TGATTAAAAA	480
5	ATATGACATG TTAAACACAA TGTAAGCTAT TATGATGTGA AAATAGTAGC ATTGCATTTT	540
	AGAAACATAG AGCGATATAA TGAATATAAG TTTTTTGAAA TTTCAGTTAA TTCTAAGGAG	600
	GTTGTTTTTA TTATGAAAGA ACAACTTAAT CAACTATCAG CATATCAGCC TGGTTTATCT	660
10	CCAAGGgCAT TGAAAGAAAA GTATGGCATT GAAGGAGATT TATATAAACT TGCATCAAAT	720
	GAAAATTTGT ATGGACCATC GCCTAAAGTT AAAGAAGCGA TATCAGCACA CTTAGATGAG	780
	TTATATTATT ATCCTGAAAC AGGATCACCG ACATTAAAAG CGGCGATTAG TAAACATTTA	840
15	AATGTAGATC AATCACGCAT TTTATTTGGT GCGGGATTAG ATGAAGTTAT ATTAATGATT	900
	TCTAGAGCTG TATTAACGCC AGGGGATACT ATTGTTACAA GTGAAGCGAC ATTCGGTCAA	960
20	TATTATCACA ATGCGATTGT TGAATCAGCT AATGTGATAC AAGTACCTTT AAAAGATGGT	1020
	GGCTTCGATT TAGAAGGTAT TTAAAAAGAA GTTAATGAAG ATACGTCATT GGTATGGTTA	1080
	TGTAATCCAA ATAATCCTAC AGGTACATAT TTTAATCATG AGAGCTTAGA TTCGTTTTTA	1140
25	TCTCAAGTAC CTCCACATGT ACCAGTAATT ATAGATGAAG CTTATTTTGA ATTTGTGACA	1200
	GCAGAGGACT ACCCGGATAC ACTTGCTTTG CAACAAAAAT ATGACAATGC TTTCTTATTA	1260
	CGTACATTTT CAAAGGCGTA TGGATTAGCG GGTTTACGTG TAGGATATGT GGTAGCAAGT	1320
30	GAACATGCGA TTGAAAAATG GAACATCATT AGACCACCAT TTAATGTGAC ACGTATATCT	1380
	GAATACGCAG CAGTTGCAGC ACTTGAAGAT CAACAATATT TAAAAGAGGT AACACATAAA	1440
	AATAGTGTTG AACGCGAAAG ATTTTATCAA TTACCTCAA GTGAGTATTT CTTGCCAAGT	1500
35	CAAACGAATT TTATATTTGT AAAAACmAG CGGGTAAATG AACTTTATGA AGCACTTTTA	1560
	AATGfAGGGT GTATTACGCG ACCATTTCa ACTGGTGTTA GAATTACAAT TGGTTTTAAA	1620
	GAACAAAATG ATAAAATGTT AGAAGTTTTA TCAAACTTTA AATACGAATA GTAAGTGGGG	1680
40	AGTGGGACAG AAATGATATT TTCGCAAAAT TTATTTGtC GTCCCACCCC AACTTGcATT	1740
	GTCTGTAGAA ATTGGGAATC CAATTTcCT TTGTTGGGGC CCCGCCGGCA AGGTTGACTA	1800
45	GAATTGAAAA AAGCTTGTTA CAAGCGCATT TTCGTTcAGT CAACTACTGC CAATATAACT	1860
	TTGTAGAGCA TTGAACATTG ATTTATGTCT CAAGCTCAAT GCAGTGTGAA TGATGAGGTG	1920
	AGAGTATTCA GTGTAAAAAG CAACAATAGA TGATATTGTT TTGTATCAAT TGCTTTTTTG	1980
50	CTATACTGAA TCAATACTGA TATTTTCAGG AGAAGATTAA AATGACCCGT AAATCAATCG	2040
	CGATTGATAT GGATGAAGTA TTGGCAGATA CATTAGGAGA AATCATTGAT GCTGTCAATT	2100

55

	TTCTGAACA TGATGGATTA ATTACAGAAG TATTGAGAGA ACCAGGCTTC TTCAGACATC	2220
	TTAAAGTGAT GCCGTATGCA CAAGAAGTTG TGAAAAAATT AACTGAACAT TATGATGTAT	2280
5	ATATTGCTAC AGCAGCAATG GATGTACCAA CATCATTTAG TGATAAATAT GAATGGTTAC	2340
	TAGACTTCTT TCCATTTTTA GATCCTCAGC ATTTTGTITT TTGTGGTAGA AAAAACATCG	2400
10	TTAAAGCTGA TTATTTAATA GATGACAATC CTAGACAGCT TGAAATTTTT ACTGGTACAC	2460
	CGATTATGTT TACAGCAGTG CATAATATTA ATGATGATCG ATTTGAACGC GTAAATAGCT	2520
	GGAAAGATGT AGAACAGTAT TTTTGTAGATA ATATTGAGAA ATAAATATA TCACTTGAAA	2580
15	AATTTTCATGT AGAAAAGATG ATGGATAGGC TATAAAGTAA TTGTGACTGA GATGAACTTT	2640
	TATGTCTTAG ACACTACAAC ACTATATTGG CAGTAGTTGA CTGCGGGGCC CCAACATAGA	2700
	GAAATTGGAT TCCAATTTT TACAGACAAT GCAAGTTGGG GTGGsCCCCA ACATAAAGAA	2760
20	ATACTTTTTC TTTAGAAATT AGTATTTCTT ATGCATGAGT GTAACATG CATTATATT	2820
	TTTAAGTACA CATTAGCTGT GACTAATGAT AAAGAATCGC TACATAATCA ATCATTAGTC	2880
	GTTCTTTATC ATTTCCGTCC CGCTCTCAAT AAATGTTAGT CTATCTTATT ATTATAAATC	2940
25	GGATGAATGT GTTAATCTAT GGCAGATTAC ACGTCATCCG ATTTTTTATA GAATTGAAA	3000
	AAGACGCATA AACCCTATG ATTTAAAATA CAACATCAAT CATTTTAGTG gCATGCGCCA	3060
	AAATTATATG TCTGTTTTTG AAACAGGGTA ATAGCTTAAA GCTAATAAAA ACGAATATAA	3120
30	GGTGCCTTGA ATCTTATGAT TACTCTCAA ACCTAATATA ATATCGGGTT AAGATCATTC	3180
	CGGATGCTTA CAAATCATTG ACAGTAAGTA ACTGAATGGC ATTTGGTATA ACCTCAATAT	3240
35	CAATAGGTGT TTCTAATGAA ATTTGCGCAT CAATATCAAC TTTCATTGCT GGATCTGTTG	3300
	TAAGTGAAAT CTTTTTACCA GGTATATGCT CAATACCTTG AGTAATTTCA TTCCaATTCA	3360
	TGCTATCAGC CTTTTTAAAA ATATCATTTA AAATACTGAA ACTTTGTTCA TTAATAATGA	3420
40	AAGTGTTTCA TTCACCATCT TGAGGAGACA AATCAGTCaA TGGTATACGA CTACCACCAA	3480
	TGAATGGACC ATTTGCTGTT AGTATCATGG TCGTTTCGCC AGAATATGTC TTATCATCTA	3540
	TTGATAATTG ATAATTAAAT TGTGTTGGAT TTAGCAGTGT TTTGACAGTT GATCCAATAT	3600
45	AACTCAATTT ACCAAATATA TCTTTTGAAC CATCTTGATC GTTTTCAGCG TTTTGAACAA	3660
	TGAGACCTAA GCCAACAAAG TTGAGTGCAT ATTGATTATT TATTTTAATT ACATCGTATG	3720
	TACCAACTTG TGCAGAAATC ATTTGTTTAC TAGCTTGTTT ATGATTAGGT GCTATATTTA	3780
50	GCGTTTTTGT AAAATCATTAA AAAGTACCGC CTGGTAAAAT GCCAATAGCG AGTTGAAGGT	3840
	CATGTGTCAT AACACCGTTT ATAAGTTCGT TAACCGTGCC ATCACCGCCA AGAATAAATA	3900

55

	CACCTTCGTT TTCACTCAAT TGAATAGAAA GATGCTTACA AATTGAACTT AATGCTGTTG	4020
	TAACTTCCCC AATACCTTGA TTAATATTTT TTAATCCACT GTGTTTCATGG TAAAAGAGGA	4080
5	CACCATGTGT ATATTTATTT TCCATAGTTT AGCCTACTTT CTAAAAATTG GTTCATTAAA	4140
	TATATATACC CACTTTTAAT TGTTAATACC AAAAATATGT TTTTAAATAG AGAAAATGGT	4200
	AATAAATGAA ATTGATTTCT ATAGAGTGGG ACGAGAAAAT ATAGTTATAG CTGTCTATAA	4260
10	TGAGCATATT AAGTTTTTAT TTATACTGAT ATCTTGAATT TAATTAATAG AAACCTATAA	4320
	AAAAACAGTA AGCCATTTAA ATGACTTACT GTTTTTTGAA TTAGGCCAAC AATATTAACG	4380
	TATACCTTTC ATCGCTTTGA TGATTAAAGG TGAGAATGCT AATACAATTG TTGTAACAAT	4440
15	AATTGCAACA ACACCTAGGA AAATAAAGTA ATTTGTTTGA CCTAGTGGTT CTATTAAGTT	4500
	AACTAAAGTA CCATTGATTG CTTGTGCAGA AGCGTTAGTT AAGTACCAA TACTCATCAT	4560
20	TTGGGCATTA AATGCTTTAG GTGCTAACTT AACAGCAGCA CTATTACCCG TTGGTGATAA	4620
	GCATAGCTCA CCGATAACAC AAATAATGTA CGATAAAATA ACCCAGTTAA CTGAAAAGTT	4680
	TGATGAACCT GATGCATAAC CTACAATACC AATTAGTATG TATGACGCAC CTGCTAAGAA	4740
25	CGTACCAATT GCAAATTTTA CTGGCAGGCT AGGTTGTTTA GTTCCAAGCT TTTGCCATAA	4800
	AAGTGAAATA ATTGGAGCTA GTAATAAAAT AAATAATGGG TTAATTGATT GGAAGATCGC	4860
	TTCAACAAAG TTTGTTTTCC AACCAAATAA GTTTAATTTT ATATCTGAAT GTTCAATTCC	4920
30	ATATATGTTT AATACATTAG ACCCTTGTTT TTGAATAGCC CAGAACACCA TTCCAAGAAT	4980
	AAATAATGGA ATAAATGCTT TAACACGAGA ACGTTCAGTA TCAGTGACAT CTTTACTTCT	5040
	AATAATTAAA GTGAAGTAAA TGANTGGTAA TGCAATACCT AATACTAAAA CAGTATTACT	5100
35	AACTAAGTTA AATGATAATG AGTTAGTTAA TGCACCAATA ACGATAATTA ATACAATTGC	5160
	TAAACAACA CTTCCGATAA TAAGACCATA CTTTTTCTTT TCAGCTGGTG TCAATGGGTT	5220
	AGTAGGTTTC ATACCAACGC TACCTAAGTT TTTGCGGTTG AAAAGTACAT ACCATACTAA	5280
40	ACCTAATGCC ATACCAACTG CTGCAATCAA GAATCCGCCG TGGAAGTTTT TAACATTAAC	5340
	AAAGTGTGTC AAAATAATAG GTGATAATAA TGCACCCATA TTAAGTGACA TATAGAAAAT	5400
45	AACAAAACCT GCATCCATAC GTCTATCATT TTCAGGATAT AAACGGCCAA CGATATTTGA	5460
	AATGTTTGGC TTCATTAAAC CTGAACCAAT AATGATGAAG AACATTGATG TGAATAAGCC	5520
	GATTAATGCA AATGGTAAGC TTAAACAAAT ATGTCCGATA ATAATAAAGA CTGCACCTAA	5580
50	TAAAGTAGCG CCTCTAGTGC CTGTAATTCT GTCAGCAATC CATCCGCCTG GTATTGATGT	5640
	CATATAGATT AATGAACCAT AACTGACAT AATTGACATA GCTGTTGTTT TATCAATTCC	5700

55

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 191:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 14078 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 191:

TGGACTATTA	ACGGCGaAGA	AGATTTAACG	AAATACTTAC	AAACCAATGT	TGATGGTATT	60
ATCACAGATG	ACCCAGCATT	AGCTGATCAG	ATTAAAGAAG	AAAAGAAAGA	CGAAACATAC	120
TTCGATCGTT	CTATAAGAAT	TTTGTGTTGAA	TAATATAAAC	AAAGACCTCT	AAAGTTATCA	180
AGATGATACC	TTCAGAGGTC	TTTTTAATGT	TGCCATCTAT	GGGATAGGCA	ATCGTTTCAT	240
TCGTTTATAT	TCATATGACA	AGTATTTGTA	TGGCAATTTG	GCGTCACAAA	CACTTACATG	300
ATTTATTGGT	GAATTATTAA	TTGTTTTGTG	AATGCAAAGG	GTTAGAAATT	GAATTGTAAA	360
TACTTTCTAA	TCTTTGTTTC	GCTTTAGTCA	TTTGATCCAA	ATTTTtagTG	CGTATAGCGG	420
ATTTTGCAAT	ATAGTGCGCA	cTAAAATATC	GCGTTTTTGA	AACGCATCTA	AATTTAGGTA	480
CGATAATTTA	TTTAAGTCAG	TGTTTGCTAT	TAATTCATGT	AATTGATCTA	CAAGCGCTTG	540
ATGTTGATAC	GTATGTGATG	TAGTTTCAGA	TTTGCTTGCT	AATTTAATAC	CAGTCGTATC	600
AAGGAGCGCC	GCTTTAATAC	CAGCAACTAA	ATATGTTTTG	ATTTTCATTT	GTGTTGTCAT	660
GCTTTGTTAC	TCCTTTGATG	TACATTAAATC	AAAAAAATTA	TACACTATTG	TATATTGCAA	720
AGCTAATTAA	CTATAACAAA	AAGATAGTTA	ATGCTTTGTT	TATTCTAGTT	AATATATAGT	780
TAATGTCTTT	TAATATTTTG	TTTCTTTAAT	GTAGATTGGG	CAATTACATT	TTGGAGGAAT	840
TAA <sup>~</sup> AAATTA	TGAAAAGCA	AATAATTTG	CTAGGCGCAT	TAGCAGTTGC	ATCTAGCTTA	900
TTTACATGGG	ATAACAAAGC	AGATGCGATA	GTAACAAAGG	ATTATAGTGG	GAAATCACAA	960
GTTAATGCTG	GGAGTAAAAA	TGGGACATTA	ATAGATAGCA	GATATTTAAA	TTCAGCTCTA	1020
TATTATTGGG	AAGACTATAT	AATTTATGCT	ATAGGATTAA	CTAATAAATA	TGAATATGGA	1080
GATAATATTT	ATAAAGAAGC	TAAAGATAGG	TTGTTGGAAA	AGGTATTAAG	GGAAGATCAA	1140
TATCTTTTGG	AGAGAAAGAA	ATCTCAATAT	GAAGATTATA	AACAATGGTA	TGCAAATTAT	1200
AAAAAAGAAA	ATCCTCGTAC	AGATTTAAAA	ATGGCTAATT	TTCATAAATA	TAATTTAGAA	1260
GAACTTTCGA	TGAAAGAATA	CAATGAACTA	CAGGATGCAT	TAAAGAGAGC	ACTGGATGAT	1320
TTTCACAGAG	AAGTTAAAGA	TATTAAGGAT	AAGAATTCAG	ACTTGAAAAC	TTTTAATGCA	1380

	GTTGTATCAT ATTATGGTGA TAAGGATTAT GGGGAGCACG CGAAAGAGTT ACGAGCAAAA	1500
	CTGGACTTAA TCCTTGGAGA TACAGACAAT CCACATAAAA TTACAAATGA ACGTATTAAA	1560
5	AAAGAAATGA TTGATGACTT AAATTCAATT ATTGATGATT TCTTTATGGA AACTAAACAA	1620
	AATAGACCGA AATCTATAAC GAAATATAAT CCTACAACAC ATAACTATAA AACAAATAGT	1680
	GATAATAAAC CTAATTTTGA TAAATTAGTT GAAGAAACGA AAAAAGCAGT TAAAGAAGCA	1740
10	GATGATTCTT GGAAAAAGAA AACTGTCAAA AAATACGGAG AAAGTGAAC AAAATCGCCA	1800
	GTAGTAAAAG AAGAGAAGAA AGTTGAAGAA CCTCAAGCAC CTAAAGTTGA TAACCAACAA	1860
	GAGGTTAAAA CTACGGCTGG TAAAGCTGAA GAAACAACAC AACCAGTTGC ACAACCATTA	1920
15	GTTAAAATTC CACAGGGCAC AATTACAGGT GAAATTGTAA AAGGTCCGGA ATATCCAACG	1980
	ATGGAAAATA AAACGGTACA AGGTGAAATC GTTCAAGGTC CCGATTTTCT AACAAATGGAA	2040
	CAAAGCGGCC CATCATTAAG CAATAATTAT ACAAACCCAC CGTTAACGAA CCCTATTTTA	2100
20	GAAGGTCTTG AAGGTAGCTC ATCTAAACTT GAAATAAAAC CACAAGGTAC TGAATCAACG	2160
	TTAAAAGGTA CTCAAGGAGA ATCAAGTGAT ATTGAAGTTA AACCTCAAGC AACTGAAACA	2220
25	ACAGAAGCTT CTCAATATGG TCCGAGACCG CAATTTAACA AAACACCTAA ATATGTTAAA	2280
	TATAGAGATG CTGGTACAGG TATCCGTGAA TACAACGATG GAACATTTGG ATATGAAGCG	2340
	AGACCAAGAT TCAATAAGCC ATCAGAAACA AATGCATATA ACGTAACAAC ACATGCAAAT	2400
30	GGTCAAGTAT CATACGGAGC TCGTCCGACA TACAAGAAGC CAAGCGAAAC GAATGCATAC	2460
	AATGTAACAA CACATGCAAA CGGCCAAGTA TCATACGGAG CTCGTCCGAC ACAAACAAG	2520
	CCAAGCAAAA CAAACGCATA TAACGTAACA ACACATGGAA ACGGCCAAGT ATCATATGGC	2580
35	GCTCGCCCAA CACAAAACAA GCCAAGCAAA ACAAATGCAT ACAACGTAAC AACACATGCA	2640
	AACGGTCAAG TGTCATACGG AGCTCGCCCG ACATACAAGA AGCCAAGTAA AACAAATGCA	2700
	TACAATGTAA CAACACATGC AGATGGTACT GCGACATATG GGCCTAGAGT AACAAAATAA	2760
40	GTTTGTA ACT CTATCCAAAG ACATACAGTC AATACAAAAC ATTACGTATC TTTACAACAG	2820
	TAATCATGCA TTCTATGATG CTTCTAACTG AATTAAAGCA TCGAACAATC GGAAGCATAT	2880
45	TTCTAAATTA TTTATTCATT ATAGTCTTAA ACATAACATG ACCTAATATA TTAATAACCT	2940
	ATTAAAATAA ACCACGCACA TCTAAGTGAT ATACGACAAT CACAGCAATA ATAATTGCTT	3000
	TAGAAAGTCG TGCCGAAGTGA GAACTTACAA GTCTAGTTTCG AACACACACT GATGTGAGTG	3060
50	GTTTTCTTTA TTTTAAACAT GAACAATCAG ATAAGTTACT AGCATTAGCA AATATTATTA	3120
	AATCAAAGGG CTTCGATTCA TAAAATTTAA AACAATGATT AAAATTAGAC GTGTAAATGT	3180

55



	TATTTACAC	AGCTTCATTA	ATAAAACGAA	ATTGCTTCAA	CCCGCTTCAA	CTTCAACTGG	3300
	CTTCAACTTC	AGCCTACTTC	ATTCAATAAC	AAAACGAATC	CGCTTCATCC	AAAATCAACC	3360
5	ATTCTAACGC	ACATATTCAA	ATATAGCAGC	TGCACCCATG	CCGACACCAA	TACACATCGT	3420
	AACCATGCCG	TAACGGCTAT	CGGGACGTCT	ACCCATTTCA	TTAAGTAAAC	GCGCGGTAA	3480
	CATTGCGCCT	GTAGCACCTA	ATGGATGACC	TAAAGCAATA	GCGCCACCAT	TCACATTCGT	3540
10	ACGTGATATA	TCTAGACCTA	CTTCTTTAAT	AGATGCAATC	GTTTGAGAAG	CAAATGCTTC	3600
	GTTCAATTCT	ATCAAATCAA	TGTCTTCAAC	AGATAGATTG	CTGAGTGACA	ATACTTCAGG	3660
	AATCGCATAT	GCAGGCCCAA	TACCCATAAT	TTTCGGGTCA	ACGCCTACTG	CCTTAAAACC	3720
15	AACGAATCGT	GCAATAGGTG	TCACGCCGAG	TTCTTTCACT	TTATCTCCAG	ACATTAAAAC	3780
	TACAAATCCT	GCACCATCAG	AAAGTGGGGC	AGATGTTTCT	GCAGTCATAG	TGCCGTCAGC	3840
	TTTAAATACT	GTACGTAATT	TGGCTAATGC	CTCCATCGTG	GTGTCAGGGC	GTATAAATTC	3900
20	ATCTTGGTCA	AAGATATTTG	TGTGTACTTT	TGGTCCTGCG	TTTGTATATT	CAACTGAGTT	3960
	TACTTGTATT	GGAATAATTT	CATCTTTGAA	CCGACCATCA	CGTTGTGCGT	CATAGGCACG	4020
	TTGATGACTT	CTGACAGCAT	AAGCATCTTG	ATCTTCGCGT	GATACGTCAA	ATTGGGATGC	4080
25	TACATTTTCA	GCAGTTAAAC	CCATAGGATA	TGACGCACCT	ATATCATCAT	ATTGTAAGGT	4140
	TGGATTGTTT	GTGGGCTCGT	TGCCACCCAT	TGGTACGGCA	CTCATCAATT	CAACGCCACC	4200
	AGCTACAAGT	ATATCTCCTT	GACCAGCCAT	AATTTGATTG	GCTGCAATCG	CGATGGTTTG	4260
30	TAATCCTGAT	GAGCAGTAGC	GATTCACGTG	TTGACCCGGT	ACCGTGTCAG	ATAATCCCGC	4320
	ACGCAATGCA	ATCGTTCGTG	CAATGTTTTG	GCCTTGTAAT	CCTTCTGGAA	AAGCCGTACC	4380
35	AACAATGACA	TCTTCAATCA	TATTCTTATT	GAATTTTCCG	TCAATACGTT	TCAATACGCC	4440
	TTGTAATACT	TTGGCTGCGA	CATCATCAGG	TCTTTCGTGG	AATAATGCGC	CTTGCTTTGC	4500
	TTTCGCTGCG	GCTGAACGCC	CATAAGCTAC	AATGTATGCT	TCTTGCATGG	TTATCATCCT	4560
40	CTCTTAATGA	CTATCTTTTA	ATTACGTAAT	GGCTTACCAG	TTTTTAACAT	ATGTGCAATT	4620
	CTTTCATATG	ATTTTTTAGA	TTTtagTAAG	TCAATAAAGC	CAATTTTCTC	CAACGATTGA	4680
	ATGTAACGTT	GATTGATAAA	TGTATTTCTT	GGTAAATCAC	CACCCGCTAA	AATTGTGGCG	4740
45	ATATTTAAGG	CAATATGATA	ATCATGGTCG	CTAATAAAAT	GACCCCGTCT	TTGCGCATCT	4800
	AATTGTCCTT	GGATCAATGC	TTTGAAGTCT	TCACCTAAAG	CGATATATTG	ATGTCTAGGA	4860
50	TTCGGAATAT	AGTTTGTTTC	TGCTTCATAT	TTCGCACGTT	TGAGCGCAAC	TTCGACACGT	4920
	TGTGCTGTAT	TGAAAATAAT	CGTATCTGTA	TCACGTAAAT	AACCATAACG	ACGTGCCTCA	4980

55

	TGTTTGTCAT CAAACTTATG CGATGTGCGT AATATGCGAT CAGCCATTTC TGCAAGGCCA	5100
	CCGCCACTCG GTAATAAGCC AACACCTGCT TCAACAAGAC CGATATATGT TTCACTTGCA	5160
5	GCGACAACAA TAGGTGAGTA AAGTACAAGC TCACAGCCAC CGCCTAAGGC ACGACCTTGA	5220
	ACAGCTGTGA CTA CTGTTT CAACTATAC TTCAAACGAT TAAAGCTATA ATGTAATTTA	5280
	TCAATTGATT GTGCAACGAC ATCATCTACA AGACCGTCTT CATGCGCCTT TTTCATTAAAG	5340
10	AAAAGGTTAG CACCCACACT GAAATTGTTA CCATCTGCAT AAATAACCAT ACTTGTGTAA	5400
	TGGTCATTTT CCAGTAAATC AATCGCATCA ACTAACGCAT CGTTGAATTC ATCGGTAATG	5460
	ACATTATTTT TACTTTGTAA TTTCAGTAAC AGTTGATCAT CATGAGTTAC GGAAAGTTTG	5520
15	GCATCACCTT TATCCCAAAG TTCATCTTTT ACGAAGTGAG AAATAGGTGT TGCATATTCA	5580
	ATGGTCTCAT CTTGTTTATA AAAGCCACCA TCTAAATCAC TAATCCATTG TGGTAAGTCT	5640
	CCAAGTTCGT CTTCCATACG TGTTTTAACA CGTTCGTATC CCATTGCATC CCATAATTGG	5700
20	AATGGACCAA GTTTCAGTT GAACCCCCAG ACAAGCGCAC GGTCTATGTC TCGGAAATCA	5760
	TCGGTAGCTT TAGGTACATT GATAGCAGAG TAATAGAAAT TATTACGTAA TGTCTCCCAT	5820
	AAAAATAGTC CCGCTTCGTC TTGCGCATTG AATATGGTAT CAAGGTTATG CACTAAGTCT	5880
25	TTATTAAATT CATTTAAAAT TGGTAATTGT GGTTCGATA CAGGTACATA ATCTTGTTTT	5940
	TCAACATCGT AAACAAGTCG AGCTTTAGTT TCTTTATCCT TTTTGTAATA TCCTTGTTTC	6000
30	GTTTTACGTC CGAGTGCGCC ATTGTCAAAC AACGTATTTA CAATTTTGAC ATCATGAAAA	6060
	TAAGGTGTTT CTTCAGGTAC TTGTTGCATG CCTTTAATTA CAGACACTGC AATATCTAAA	6120
	CCGACTAGGT CAGATAGCGC ATATGTACCT GTTTTAGGAC GACCAATCGC TTGCCCAGTT	6180
35	AAAGCATCCA CATCTACAAT GCTTATCTTG TGTTGCTCGG CGCGATACAT AATATCATTC	6240
	ATTGTTTGCG TGCCGACTCT ATTTGCGACA AAGCCAGGCA CATCATTGAC GACAATGACA	6300
	CCTTTACCTA ACACATTTTG CGCGAAATTT TTTACATCTA ATATAATAGA TTCCTTCGTG	6360
40	TGTGACGTAG GTATTAATC CACTAATTTT ATAATACGTG GTGGGTAAA GAAATGTAGA	6420
	CCAAAGAATC GTTCTTGATC CTTCTCGTTA AATGCTTGAG CAATCGCATT AATTGGAATA	6480
	CCTGATGTAT TTGTAGCGAA TAAAGCATCT TCTTTAGCAT GTTGTAGAAC TTGTTGCCAA	6540
45	ACAGCATGCT TAATTTCAAT ATCTTCTTTG ACTGCTTCGA TATATAAATC AGCATCATCA	6600
	TTTACCAAGT CATCATCAAA ATTACCATAT GTTAAATGAC TCGCTAGATT TAAGTCGAAT	6660
50	AGTAGCGGCC GTTCTTATC TGTAATTTTA TCGTAAGATT TTTTCGCAAT GAGATTTGGA	6720
	TCGTTTTTGT CCACTACAAT ATCTAATAGT TTTACTTTAA GTCCAGCATT CACAAAAAGT	6780

55

	GTGATTCCTC CAATTTAGTT GAGGATAAGA TAACCATTAA GATAATTGGA ATAACGTTGC	6900
	TATTTTATAA AATTAATTAA GTATCTTTGA CAGTCATCTT AGCCTCTTAT TTAAGGAAAA	6960
5	AGCTTTATGC TTAAAATAAG TCTTTTTTAG TGAAATTAAT GCATCTCATA TAATTATTTG	7020
	CTATTTATAC GAAAGCAGAA TCTCCAGTCA AAGCGCGTCC AATTACTAAG GCATTAATTT	7080
	CATGTGTACC TTCGTACGTG TAAATCGCTT CTGCATCAGA GAAGAAACGT GCAATATCAT	7140
10	AATCGTCAGC TAGTATGCCA TTACCACCTG TAATACCGCG GCCCATAGCT ACTGTCTCAC	7200
	GCAAACGTAA GGCATTCATC ATCTTCGCCG TTGAAGTTGC AACCTCGTCA TATTCACCAT	7260
	GTGCTTGCAAT ATTAGCTAAT TGAGCACATG TTGCCATTGC TTGAGCTAAA TTACCTTGCA	7320
15	TCATTGCTAG CTTTTCTTGT ATTAACTGAT ATTTACTAAT TGGTTTGCCG AATTGCTTAC	7380
	GCTCAGTGAC ATAATCTAAT GTGGCACGTA AAGCGCCAGC CATACCACCT GTAGCCATAT	7440
	AAGCAACGCC TGCTCTCGTT GAATAAAGAA TTTTGGCAAT ATCTTTAAAG CTTGTTATGT	7500
20	TTTGTAAGCG ATCCGCTTCA TCTACTTTGA CATTAGTTAA TTTAATTAGG GCGTTAGGAA	7560
	CAATGCGAAG TCGGATTTTA TTATCAATGA CTTCAATATC GACGCCATCT TGTTCCTGGTC	7620
	TGACTACAAA GCAATGGGGT TTGCCAGTTT CTTTATTTAC TGCGAATACT GGAATGACAT	7680
25	CAGATACATG TGCACCACCA ATCCATTTCT TTTCACCATT GATAACCCAA GTATCGCCTT	7740
	GGCGTTCAGC GACTGTTTCA AGACCTCCCG CAACGTCCGA ACCGTGTTCT GGTTCAGTTA	7800
30	AAGCAAAGCA TGTACGCAGT TCATGTGACT GTAATTTAGG TACATATTTT GCAATTTGTT	7860
	CTTTGCTACC TCCGAAATAG AAAGTGTTAT GCCCTAAACC TTGGTGAACA CCGAGTAGGG	7920
	TAGCTAAGGA AATATCAAAT CGCGCGAGTA GGTAAGACAT GAAAACTGA AATAGTTGAC	7980
35	TAGGCAFTTT GCGGTTTGGA CGATCCTTGT AAAGTAATGG ATTGTTAAAA TAATTTAATT	8040
	CTCCAGATC TTAAATAG TCCTCGGGTA CAGTAGCGTC TATCCAATGT TGATTAATAT	8100
	TTTCACGGTA CTTACTTTCT AGCAATGAAT CTACTTGTTG TAAAAATTCG ACTTCACCGT	8160
40	CTGTAAACC TTTAGCAATA CTAAGTACAT CTTCAGGAAA TAATGTTTTT AAGACCGTTT	8220
	CTTTTTCAAA TGTCATATAA ATTCCTCCTA AAAATAATAT GAATACTAAT GTGAAATGCA	8280
45	TTTAATTCAA AAACAACACG CTTTATTTGT AAACGCTTAC ACTAAATGTC AAAAATTTTT	8340
	ATCACCTTTA AAGTGTTTGC GAGACTTGT CATTATCAT TTGTCGAATC GCAAGTTTAT	8400
	CTGGTTTCTG CGTACTGTTT AACGGCATAT GTGTCACTGG TACATACATT CTTGGGACTT	8460
50	TATAACCTGC TAAACGACTC CGCATATGTT GATTTAAAAT TTCAGCGTAA TGAGGTTTAT	8520
	CTTCGCGAAG TATAATGGCT GCAGCAATTG ATTCACCATA TTTTGGATGA TCATAGCCAA	8580

55

	AGACATTTTC GCCACCAGTT ATGATTAATT CTTTTTTGCG GTCAATAATA AATATATCGC	8700
	CATCGTTGTC CATCTTCGCT AAGTCACCAG TTAATAAATA TCGACCATGA AATGCTTTGG	8760
5	CAGTCTCTGC TGGTTTATTC CAATATCCTG GCGTGACATT TTTAGCCTTA ATTGCAAGTT	8820
	CGCCAATCTC ACCAGTAGGT ACTTCCTCAC CGTTATCATC AAGGATACGT GCATCAACGA	8880
	ACATGACTGC TTTACCAATA CTCATTGGCT TACGTTTTGA ATTTTCCGGT GTATTAACAA	8940
10	GTACAAGAGG TGCTTCAGTT AAACCATAGC CGTTAATAAT GTTTATGCCA TATTGTTTAA	9000
	AAGCTGCTTG GATACTTGGT AATGGTTGTG AACCACCTTG GATGATATAA TCCATAGCTC	9060
	TAAAATTTTC AGGATTAAAA TTACTAGCAC GTAGCGTACT ATAATACATT GTCGGAATCA	9120
15	TGATAATAAA TGTAGGGTGA TATTGTGCAA TCATGTCATT CAATTCTTCG CCGTTAAAGT	9180
	AACGTTGAAG AATAAGTGTG CCACCTGACA TTAATACTGG TAATACAGTA TCGTTAAACC	9240
20	CTAAAACATG GAACATTGGT GTTGATACAA TCGTAATATA GTTTGAATTG AACTTATACG	9300
	TCAGCTCTAA GTTTGCACCG TTATGAACAA ATGATTCATA TGAGAACATC ACACCTTTAG	9360
	GTGATCCGGT TGTACCACTT GTATAAATTA ATGCTGCAAG ATCTTGTTGGT TCAACAGGTG	9420
25	TTGCTTGAAA AGGTTGGTGA TAATCTGGAT TTACGATTTT ATCATATTGC GCCACATCAA	9480
	TATCCATATG CAATAAGTTT TGGTCAATAT CGGTGAGTGA ACTTAAATGT TTTTCAGCAT	9540
	AGAAGAGCAG TTTTAATTGT GCATCTTCCA CAATGGCTGC AATTTCTTTT GGGTTAAGCC	9600
30	GCCAATTCAA TGGTAAAAAA ACCGCACCTG TTTTAAAACA AGCAAACAAT AAATCTAATA	9660
	TTGCAATATC ATTTGGCGCA AAAATACCGA TAACATCGCC TTTTTTAACA CCTTGAGATG	9720
	TTAAATAATG TGCCATATTA TCAGCGCGTG CATTGAGTTG TTGGTATGTC CAAGATGTTT	9780
35	GTTTTGCGTG ATCAATAACG GCAGGCTTGT CATCATCGAA GTCTGAACGC GTTTTTATCC	9840
	AATCGAAATT CATTAGTATA CCCCCTTTAG CTTCACTTTC ATACTTTATG AATTGATTGT	9900
	TTAAGTTGTC CCCATTTTTC TTTGTAAATG CTGGTATCAA TTAATTTTAA ATGATCAGCA	9960
40	ATAATTGGTT TAAAAGCCAT TTGATTCAAA ATATCTTTAT GCAAATCAAG ACCTGGTGCA	10020
	ATTTCAATTA GTTTCAAGCC TTGATTGGTG AGTTCGAATA CTGCACGATC AGTAACAAAA	10080
45	TAGATTTCTT GCTCGAGTGA TTGTGAATAT TGTGCATTAA AGTCGATATG GCTCACATCT	10140
	GATACAAATT TCTGGTTTTG TCCTTCAGTT TCAATGTTTA ATCGTTGATT ATGGCATGAG	10200
	ACATGACTGC CAGCTACAAA AGTACCTGAA AAGATAATTT TATTTACAGA TTGCGTAATG	10260
50	TCTATAAAGC CACCACATCC ATTTAGTCGG TCATTGAAGT AAGACACGTT GACATTGCCG	10320
	TATTGATCAA CCTCAGCAAA GCTAAGATAG GCAACTGATA CACCATTGTT ATAAATAAAA	10380

55

	CGACTCCCAA CGAATCCACC GAAAATGCCA ACATCTAAAA TCGGTTGCAC ATCATGTTCA	10500
	ACACATTCTT CATGCAATAA ATTAGAGAGT TCATTATTGA TGCCATAACC GATGCTAATT	10560
5	GTATCGCCAT AAGTTAAAAA CTGAGCAGCA CGTCGGAGAA TCAATTTGCG ACTATTAAAA	10620
	GGTAATGCGG GTTCAGGTAT TCCATCAATT CGTTCCTCTC CAGACAAGGC TGGTAAATAA	10680
	TGACTTTGAA TTAATTGGCG GTGATTCTTT TCATCTTCTG TGACGTATAC ATAATCGACA	10740
10	AGATTTCCCTG GGATAACAAC TTCATTCGGT TTTAGTTGAT AGTCGTCAAC TAAAGCTTTA	10800
	ACTTGTACAA TAACTTTCCC ATGATTGGCT TTCGCGTTTA ATGCGACATG ATAACACTCG	10860
	CTCAAGTACG CTTCTTGAGT TAAATAAATG TTACCTTGTT GATCTGCGTA TGTTCTCTC	10920
15	AGTAGTGCCA CATCAACGCT AGGGAATGTG TAATGTAAGT ATGTTTCATC GTTGATGGTT	10980
	ACTAATGAAA CTAAATCATC CGTTGTTTCGT GTATTTACTT TACCGCCACC GTATCTAGGA	11040
20	TCAACAGCTG TGTTTAATCC GATTTTAGTA ATAACTCCAG GTAATAATTG ATTACTCTGA	11100
	CGATAATGAG TTGCAATGAT ACCTTGTTGGT AAAAAATAAG CTTCAATGTC ATTATTTTTC	11160
	ATTGCTTGTTG CCGTTTTGGA AGAAGCCGTT AAAATACTCA TAATGACACG TTTAATCATG	11220
25	CGACGTTCTA TAAAATCATC TAAATCCGGT GCGGCACCTA AACTATGAAT ATCATTGCT	11280
	AATATAAACG TTAAATCATT GGGCGTATGA TATGTGTCAT GTTGCGCTAA CACAGCACGT	11340
	AGAACTTCGG CGGGTAAGTT GGCTACAGCT AATGCTGGTA AACCAATCAC ATCACCATCT	11400
30	TTAATGATAT GTTGTAAGTC GTGCCATGTG ATTTGTTTCA AGCAAGTCAC CTCCATCACA	11460
	TTTGATAAAA TATAGCGTTT TTACACTTTG TGTAACCCT TaCAAGAAAT ATAACATAAC	11520
	GACGTTTAAA ATCAATTAGA AATATCTTTT TATTCTGATA ATAGACACAG TATAGACACA	11580
35	TTTGATGGT CGATAACAAT TGTAATATCA AGGGTTTGTA ATGAATTGAA TATCATTA	11640
	ATACCTTATAT AAAAATATTG TTCGGAATAT AAAAAGTTAA ATAGGTTTTG ATTTTAAAT	11700
	ATGAAATACA AAGTGCCCAA TCGAACAAAG TATTTATATT AAAATATGGA AAATCCATCA	11760
40	ATATTAAATT AAAATAGTTT TATTATGAAA AGTGAAAGTA GGTAAGTCTA TGGAAGGTCT	11820
	TAATCATCGA AGAAATACAG AAAAAGAAGA GACAACACAA ACGCAATCaG TTGCACCTAA	11880
45	TACAGGTGAA GAGGGGATGT CATCAGCAAG TACACAATCA ACTAAGACGT CCGACATACA	11940
	TAATGAATCT ATCGATAAAC AAATGGAAGC TAAAGCGCAT GAAACAGCGC AAAATACAGA	12000
	TTTAAAAAAC GAAGCAAGAA GTTTATTTGA TAATGCAACC AAATCAATCG GTAGACTAGC	12060
50	GGGCAATGAT GAAAGCTTAA ATCTTAATTT AAAAGATATG CTTTCTGAAG TATTTAAGCC	12120
	GCATACTAAA AACGAAGCAG ATGAAATATT TATAGCGGGT ACTGCTAAAA CTACGCCAGC	12180

55



	TTTCACAGTA ACATTTATTG GATTATGGGT CATGGCAGCA ATTTTAAATA AACTAACGC	12300
	GATTCCGGGT CTCATTTTTA TAGGGGCTTT AACAGTACCA TTATCGGGTT TGTTCTTCTT	12360
5	TTATGAATCA AATGCGTTTA AAAATATTAG CATTTTGTAA GTTATTATCA TGTTCTTTAT	12420
	TGGCGGCGTA TTTTCATTAC TAAGTACGAT GGTATTATAT AGATTTGTCTG TTTTGTAGTA	12480
	TCAATTCGAA AGGTTTGGTT CTTTAACATT TTTCGATGCA TTTTGTAGTAG GATTAGTTGA	12540
10	AGAAACTGGA AAAGCACTCA TTATTGTTTA TTTCGTCAAT AAATTGAAAA CAAATAAGAT	12600
	TTTGAATGGA TTATTAATCG GTGCTGCTAT TGGTGCAGGG TTCGCAGTTT TTGAATCAGC	12660
	AGGTTATATT TTGAATTTCTG CTTTAGGAGA AAATGTCCCA TTATTAGATA TTGTCTTCAC	12720
15	ACGTGCGTGG ACTGCGATTG GTGGTCATTT AGTTTGGTCA KCGATTGTTG GTGCTGCAAT	12780
	AGTTATTGCG AAAGAACAGC ATGGCTTTGA ATTCAAAGAT ATTTTGTATA AACGCTTTTT	12840
	AATATTCTTT TTATCAGCCG TTGTTTTACA TGGCATTGTTG GATACATCTT TAACTGTACT	12900
20	TGGCAGTGAT ACGTTGAAAA TATTTATTTT AATCGTTATT GTGTGGATAC TTGTATTCaT	12960
	TTTAATGGGG GCAGGTTTAA AACAAGTGAA TTTACTGCAG AAAGAATTTA AAGAACAACA	13020
25	GAAAAAAGTA GACGAATAAT AATTAAAGCT TATGTTGCTC ATATGTTTGT GACATAAGCT	13080
	ATTTTATAIAA TTTGTCTTTA AAAGAGTGGA ATAGGAATAC TTTTGGAGT TAAAAAGTG	13140
	TTtCACGTTA AACAAATAGT GACAATTAGA TTTATATAAA ATGAACATGA TTCACTGAAA	13200
30	GTATGTAATA ATCATTTTAT TGAAATTCAT CAAACAGAAA TTAATACAAT CATATAAGCA	13260
	AATTAAACCA CGCCATAATC ATATTGGATG ACTTCGGCGT GGTTTTTATA GTTGAAGCAG	13320
	GGCTGAGACA TAAATCAATG TCCCACACTC CCTTATCGTT CAATCGTTGT TCGATAATCG	13380
35	ATTAAATAGA TACCTTCAGG TGTTACTTTA TAATTTTTAA CCTTAGAGTT AGCAGCGACT	13440
	ATTGATCGT TGTAAGCAAT ATAAGTGTGTT GGTACATCTC GACTTGATAA TTTAATAATA	13500
	TCATTAGAAA TATTGTGACG TTCCTTAACA TCTACAGTAT GATTCAATTG ATTAATTAAA	13560
40	TCATCGACGT TGCTATTATT GTAGTCTCCT TTATTAATAG CACCATCTTT TTTATATGCT	13620
	TGATTAAAGA AATAACCTGT ATCTCCACGA GGAATTGTTC CGAAACTATA CATCGTTGCA	13680
	TCCCATGCAG AACGGTCTTT TAAGTAACCT TCTATGTCAT CAACACTTTT AATGTCGATT	13740
45	TCAATATTTG CTTTTTTAGC ATCTGATTGT AATACTTGCG CAATTTTCGA TAGCTCTGGA	13800
	CGACCGTCAT ACGTAATTAA CTTAATTTTT AAAGGGTGTT CTTTTGTATA ACCATCTTTA	13860
50	GCTAATAACA TTTTGTCTTG TTCGATATTT TGTTTGGTTA ACTTAGGTTT TTTAATATAT	13920
	GGAATTTTAT CATTAAATGG ACTCGTTGCA GGTTCGCAT AACCTTGATA AATATGATCT	13980

55

TTATTAGTAT GATTATACAT AAGTaAGAAG TTCTAAAn

14078

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 192:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 486 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 192:

15	TGAAACTAA AGTGTCTTA ATGCGTGACT AAAATTAGTA ATAATTAAGT TCTCATGATA	60
	ATAGGTATTT TTGAAAATG GAGGAGTCTA TAAATGGGTA AAAAAATGGG TCTAGGTTTA	120
	TCTATTGCAT TGGTTGTTAT TGGTATTGCC GTTGTATGTT TAATGATTTT TTCTAGTCAA	180
20	AAAACGACTT ATTTTGGTTA TATGAATAGT AATACAAATG CAGAAAAAGT TGTCAGTGAA	240
	AAAGATGGAT TAGTCAAACA TAATATCAAA GTAGAACCAT CTAATGATTT CAAGCCGAAA	300
	AAAGGAGACT TTGTAAAATT AGTTTCTAAA GATGATGGGA AGACATTTTA TAAACAAGAG	360
25	ATTGTTAAAC ATGATGACGT CCCACACGGT TTAATGATGA AAATTCACGA CATGCATATG	420
	AATTAATAAA AAAGCATCTA TAACGTAATT TTGAAGAAGT AGAGTTATCT TCTTATGCGT	480
	TTTAGA	486

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 193:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1626 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 193:

40	GAGGTCTATA TACAATTATG GTTGTTCCAG TTAAACGAAC TGATGGCTTT ATTACTAAGT	60
	TTAATAGATT AATTGAAAGA CGATTATTAC GTCATTTTCA TAAAAAAGGT TATATCACAT	120
45	GGGAGGAAAA TTGATTGTCT GACATTTTAA AATGTATCGG TTGTGGTGCG CCACTTCAAT	180
	CTGAAGATAA AAATAAACCT GGTTTTGTAC CAGAGCATAA TATGTTTCGT GATGACGTGA	240
	TTTGCAGACG TTGTTTCCGC TTGAAAATT ATAACGAATT CAAGATGTAG GATTAGAAAG	300
50	TGAAGACTTT TTAATAATTAT TATCAGGACT TCGGATAAAA AAGGGTATTG TCGTCAATGT	360
	CGTGGATGTA TTTGACTTTG AAGGATCATT TATTAATGCA GTTAAACGTA TTGTCGGAAA	420

TCGAGTTAAA GAATGGTTAA AACGAACAGC AAGAAAATAT GGTTTGGAAG CTGACGATGT 540  
 CGTATTAATT TCAGCTGAAA AAGGCTGGGG CATAGACGAC TTATTATCAT CAATTGCGAA 600  
 5 TATTCGAGAA AATGAAGATG TGTATATTGT AGGGACAACG AATGTTGGGA AATCTACATT 660  
 GATTAATAAA CTGATTGAAG CTAGTGTGG TGAAAAAGAT GTAGTAACAA CTTCAAGATT 720  
 CCCTGGAACA ACTTTAGATA TGATAGATAT TCCTTTAGAT GAAACATCAT TTATGTATGA 780  
 10 TACACCAGGT ATTATTCAAG ATCACCAAAT GACGCATTTA GTTAGTGAAA AAGAATTGAA 840  
 AATTATTATG CCTAAGAAAG AAATAAAACA ACGCGTATAT CAATTAAATG AGGCGCAGAC 900  
 ATTATTCTTC GGCGGTCTAG CGCGCATAGA TTATGTATCA GGTGGTAAAC GTCCGTTAGT 960  
 15 TTGTTTCTTT TCTAATGACT TGAATATACA TCGTACTAAM ACGGAGAAGG CTAATGATTT 1020  
 ATGGCGTAAT CAACTTGGCG ATTTATTAAC GCCACCTGGA AATCCACAAA ATTTTGATCT 1080  
 TAATGAGGTA AAGGCTGTTA GACTTGAAAC AGGCAAAGAG AAACGCGATG TTATGATCTC 1140  
 20 TGGTCTAGGC TTTATAACTA TAGGACCAGG GGCTAAAGTA ATCGTTCGTG TTCCTAAAAA 1200  
 TGTTGAGGTT GTATTAAGAA ATTCTATTTT ATAAGGTGAT TAAAAAATG AAATTTGcAG 1260  
 TTATAGGAAA TCCTATTTCA CATTCCTTGT CGCCCGTTAT GCATAGAGCA AATTTTAATT 1320  
 CTTTAGGATT AGATGATACT TATGAAGCTT TAAATATTnC CAATTGAAGA TTTTCATTTA 1380  
 ATTAAAGAAA TTATTTGAA AAAAGAATTa GAAGGCTTTA ATATCACAAT TCCTCATAAA 1440  
 30 GAACGTATCA TACCGTATTT AGATTATGTT GATGAACAAG CGATTAATGC AGGTGCAGTT 1500  
 AACACTGTTT tGATAAAAGA TGGCAAGTGG ATAGGGTATA ATACAGATGG TATTGGTTAT 1560  
 GTTAAAGGAT TGCACAGCGT TTAnCCAGAT TTAGAAAATG CATACATTTT AATTTTGGGC 1620  
 35 GCAGGT 1626

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 194:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 40 (A) LENGTH: 635 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 194:

AGGGTTAATT GTCGGTTTAA TTGCAATGAA TAAGTTCCAT GTATTAGCTG GCTATAGAGC 60  
 50 GAAATTCATC TTAATGGTGA TTTTAACTAT GATGGTCTTC GTACTTATTA ATACGTATTT 120  
 ACTAAGACAG GTAAAATCTA TCGGTATGTT CTTAATGATT GCTGCATTGG GTCTATACTT 180

	GTCTTATATC GATAACATGT TCTTCAATTA TTAAATGCA GAGCATCCTA TAGGCTTGGT	300
	GCTAGTAATA TTAACAGTAC TTGTGATTAT TGGCTTTGTA CTGAACATGT TTATAAAACA	360
5	CTTTAAGAAA GAGAGATTAA TCTAATGTTG ATGAATAGCG TGATTGCTTT AACTTTTTTA	420
	ACAGCATCTA GCAATAATGG CGGACTTAAT ATTGATGTGC AACAGAAGA GGAAAAGCGA	480
	ATCAATAATG ATTTAAATCA ATATGATACA ACGCTATTTA ATAAAGACAG CAAAGCGGTT	540
10	AATGATGCGA TTGCTAAGCA GAAAAAGAA CGACAACAAC AAATAAAAAA TGATATGTTT	600
	CAAAATCAAG CGAGTCACTC GACTCGCTTG AATGA	635

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 195:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 13715 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 195:

25	CTGAAATGGG TATTATTTGT CTTCTTCATC ATAAAGTAAT AAAGATTGTT CATCATTGCG	60
	ACGTTGCCAA TTTTCATTTG GCGATCTTGG AACGTATAAT AATTGCCTAG TAGCATACGC	120
	TTTGATTGAA ACATACAAGT CATTCTTGA ACTTGCACCT CAATTTCCAC ATTTGAATTT	180
30	TCTTTTATAT TAATAATTC ATCCAAATTC AGCTCACGTG CTAAGACAGC TCTTGATGCG	240
	CCTCTTTTAC CCCAGTAATT ACATTGAAAA TGATTAGTTA CTAACGTCTC TGCATTCCAA	300
	TGAAGTGGTA TTGGATTTTC TTGCGCCTTC ACATACATTA CTAAGTCTGG ATCCCCGAAA	360
35	ATAATTCTGT CAACTCGTAT TTCATGTAAA AAATTAATAT AATCTTCTAC AGCATCTAAA	420
	TGATAATTAT GAAATAATCC ATTCAGTCC GCATATACTT TTTATCGTT TTTGTGAGCT	480
	AATGCGACAG CCTCTGTCAT TTGTTGTCTA TTGAATTCCC CTGGAAGTCT TAAACCAAAC	540
40	TTTTGCTCGC CAATTACAAA AGCATCTGCA CCTAAATCAA TAAGTGTTTC CATATGGCTT	600
	AATGACTTGG GTGTGACAAG TAATTCTGTC ATAGTCATTC TCCTTTAATT GAAATCGCTA	660
45	ATCCATCGTC TATATTTAAA AAATTCGTTG TATATCCTGG TTGCTTTATT AACCCTCAT	720
	TATAATCTTG AACCTTTTTA ACCATTTGTC TTACATTTCT CGATCTAACA ATCCCAATAT	780
	CCGATACAAA ACCGTGATAT AAAACATTAT CTGTAATTAC GAGACCTTGG TGCTTTAAAA	840
50	GTGGTGTATA TATTTCAAAA AATTTCTTTG ATTGCGCTTT TGCTGCATCA ATAAATATCA	900
	TATCATAAAC TTTGTCATTT ACATTTTCAA ATTGCTCTAA AGCATTACCT TCAATAATTC	960

	CATTACGCTC TATCGTTGTG ACATGAATGT CATCAGATAT AGAAGCGAAT TGCATAGAAC	1080
	TATAGCCGAT TGCTGTACCA ATTTCTAAAA TATTTTAAAC ATTATTCATA CGAATTAATT	1140
5	GCTTAATTAA ATCTAATGTT AAACGATCTA CAATTGGCAC TTCATTTACC TCGGCAAATT	1200
	CACGCAAAAC TTCGATTGAA CTATTTTGAT GTTGATGTAA ATCTATTAAA TATTTTAT	1260
	TTAGGTCATC CATGTTTTAA ACTTCCTTTA TGTAATAA GTCAATATGA TTATGACAAT	1320
10	AAAATAAATC AGCCTTCACA ATTGATTATA ATTTTGCCAA CCAATTAAAT GACTGATTTC	1380
	GTGTTAGACG CAAAGCTATT TTATTTATAG AAGCGAATCA TTCATATAAA ATTTAACTTT	1440
	AGATATTTTA CCATATTTTC AATAAAATTA TAAGCGTTAA TTATTTATAC ATTGCTTGAC	1500
15	TTAAAAATA CTCTTGCTC CCCATCTTTA AGGTTAGCAA GAGTAAATC TTTTAAATTA	1560
	TTCTTCCATT TCAGTATTTA CAACTTCTTC AATCATGTCC CATTCTTCAT CAGTTTCGAT	1620
	TGGTACTAAC TTACCACCGT CACCTGACTC ATCTGGTTCA TTGATCATTG GTACAAGCTC	1680
20	AATCATATCG TCTTCATCTG ATTGAGCACC TTCTTCAGCT AAGATAACAT ACTCTTTTTT	1740
	GAATTCAGGA TGATAAAATT CTAAACTTT TCGGTATAAA ACTTCATTTT CCTCTTCATC	1800
	GAATAAAGTT AATAATTCTT CTTGTTATT AATTCTAGT TGTGAATCAT GATTATGTTT	1860
25	AGTCATAGTA AAATCTCCTT TTAATGTAGT GAATCTAAAT AGCCTTGTA AATAAATACC	1920
	GCTGCCATTT TATCAATCAC TTGTTTTCTT TTTTGTCTTG AAACATCTGC TTCTAATAAT	1980
30	GATCGTTCAG CAGCCATTGT GCTTAATCTT TCATCCACA TCACAATCTC AATAGAAGGA	2040
	TAAGCTTCTA ATAATTTTTC TTTATATGTT AACGAAGCTT CGCCTCGAAA TCCTATTGAA	2100
	TTATTCATGT TTTTAGGTAG TCCTATTACG ACTGTACCCA CATTATGTTT TTTAATAATG	2160
35	TCTACTAATT GGTCAATACC TAATTCATTA TTTTCTTCAT TGATTCGGAG TGTGTCTAAT	2220
	CCTTGTGCCG TCCAACCCAT TATATCACTA ATTGCAATTC CTACCGTTCT ACTACCGACA	2280
	TCGAGTCCTA AAATTTTATG TTGTAACATA AATTATTTAT TTTGCTCTTT TAAATAGTAA	2340
40	GAAACAAGCT CTTCCATAAT AACATCTCTA TCAATATGAC GAATTTGATT TCTTGCTTCA	2400
	TTTTGGCGTG GAATATACGC AGGGTCACCT GATAATAAAT AACCTACAAT TTGGTTTACG	2460
	GCATTATATC CTCGTTTCATC TAATGTTTGA TAAACATTAT TTAAAACATC TCTTACATCT	2520
45	TGCGTTGGAA GTTCTTCATA GTCGAATTTT ATTGTTTTAT CAAAGTTTTT CATTGCGAC	2580
	ACTCCTTTAA TTACAAATAT AACTCACTAT CATCATACAA TATTATGGCT TTAAATTATA	2640
50	GATTTTAAAT GTAATCTTTA ATAAAGCTTA ATGATTTTGA GATATTTTCA GGTGTGTAC	2700
	CGCCACCTTG AGCCATATCT GGACGACCGC CACCTTTACC ACCAACGATT GGTGCCATTT	2760

55.



	TCGATACTTT ATCATCAACA TTACTTGCAA GAATGATAAT TGTATCTTGT AGTTTAGATT	2880
	TAAAATCGTC CATTGTCGAG CGAATTGCTT TCGCATTGTTG TACATCCACT TCAGTAACCA	2940
5	ATACTTTATA GCCATTGATT TCTTCAACTT GATCTTCAAT ATTACCCATT TTAAGTGATG	3000
	TGATTTCTTT GTCACGTTGC TCTAATTGTT TTAATAATGC TTTTCTTCA TCTTGTAATT	3060
	GTGTTAACTT ATCGACTACT TGATCATCAG ATTTCACTTT CAGCTGTGAT TTCATCGTAT	3120
10	TAAATTTCTC TTGAATATCT TCTAAATATA AGAAAGCTGC TTTACCTGTT AATGCTTCAA	3180
	TACGACGCAC ACCAGCTCCT GTACCTGACT CACTTACTAT TTTGAATAAG CCAATTTTCAG	3240
	AAGTATTGCG GACATGAATA CCACCACATA ATTCAATTGA AAATGGTGCC ATATTTACTA	3300
15	CACGCACAAC ATCACCATAT TTTTCACCGA ATAATGCCAT TGCGCCCAT TCTTTAGCTG	3360
	AAGCAATATC CATTTCTTGA ATGTTAACGT CAATACCTTT CCAAATTTCT TCATTTACTA	3420
	AGCGTTCAAC TTGATCAATT TCATCATTAG TCATTGGACC AAAATGAGAG AAATCAAAAC	3480
20	GTAAACGATC TGCTTCTACT AGTGAACCAG CTTGGTTAAC ATGATCACCC AGTACTGATT	3540
	TCAACGCTGC ATGTAATAAA TGTGTTGCAC TATGGTTCTT TTGAATGTCA CGTCGATCAT	3600
25	TTTGGTTTAC TTCAGCAGAC ACTGTAGCGC CAACATTTAC TTGGCCAAAT TGTACTACTC	3660
	CTTTATGCAA GTTTTGACCA TTTGGTGCTT TGGTTACTTC ACTAACAGCA ATTTCAAAAT	3720
	TGTCATTATA AACAAATACCT GTATCCGCAA CTTGTCCACC ACTGATTGCA TAAAATGGTG	3780
30	TTTCCGTAA CATGAAGTAT ACTGTTTCAC CCGCTTCAAC TTGTGAAACT TCTTCACCAT	3840
	TGTATATCAA GTGTGTTAGT GTTGTTGAG CTGTCGCAGT ATCATAACCA ACAAAGTAC	3900
	TTGCAGATGT AATATTTTTC AATACTTCAC TTTGAACTTG CATTGATTGA GAATTTTGAC	3960
35	GTGCTTGACG TGCACGATCA CGTTGTTGTT GCATTTCTGA CTCGAATGTT GTCATATCAA	4020
	CTTCAATCC TGCTTGCACT GCTATTTCTT CAGTTAATTC AATTGGGAAC CCATACGTAT	4080
	CATACAATTT AAATGCATCT TTCCCAATTA TTTCAATTGT TGTCGCTTTA GCTTTTTTAA	4140
40	TTAATTCATT TAAAATCGCT AAACCATCTT CTAATGTTTC ATGGAATCGT TCTTCTTCAG	4200
	ACTTTATAAC ACGCTTAATG AAATCTGCTT TTTCTTAAC ATTTGGATAA TATGGTTCCA	4260
45	TAATGTCTGC AACAAATATCA ACAAGTTTGT ACATAAATGG CTCATTGATT CCTAACGTTT	4320
	GACTAAAACG AACGGCACGA CGTAACAATC GACGTAATAC ATACCCTCTA CCTTCATTGG	4380
	CAGGTAATGC ACCATCAGAA ATTGCAAATG CAATCGTACG AATGTGGTCA GCAATTACTT	4440
50	TAAATGCCAC ATCTTGTTTCG TTGTTTACTA AATATTGTTT ACCTGATACT TTTTCGATTT	4500
	CATTCATTAT AGGCATAAAT AAATCTGTTT CATAGTTAGT ACGTACATTT TGAGAAACTG	4560

55

	TATGATCTTT ATTATGATTG AATTCACATA ATACTAAGTT CCATACTTCA AGATAGCGTT	4680
	CATTTTCTCC ACCTGGATAC ATTTCTTCTG CCGGATCGTC TTGTCCATAT GCTTCTCCGC	4740
5	GATCATAGAA AATCTCAGTG TTCGGTCCTG AAGGCCCTTC ACCAATATCC CAGAAGTTAC	4800
	CTTCAATGCG AATAATACGA CTTTCTTCAA GCCCAATATC TTTATGCCAA ATGTTGTATG	4860
	CTTCCATATC TTCCGGATGA ATCGTAACGT ACAATTTATC TGGCTCCATA CCCATCCATT	4920
10	TATCACTCGT TAAAAATTCC CAAGCAAATT CAATCGCTTC TTGTTTAAAA TAATCACCAA	4980
	TTGAGAAGTT ACCTAACATT TCAAAGAATG TATGGTGACG CGCTGTGAAA CCAACATTTT	5040
	CAATATCATT TGTACGAATA GCTTTTTGAG AGTTTACAAT TCTTGGCTTT TTAGGTGTTT	5100
15	CACGTCCATC AAAATATTTT TTTAATGTTG CTACACCTGA ATTAATCCAT AATAATGTAT	5160
	CATCATCAAT TGGCACTAAT GGTGCAGAAG GTTCAACCAT ATGTCCTTTT TCAACAAAGA	5220
20	AATCTAGATA TTTTGTCTA ATTTCACTCG CTTTAACTT TTTATCATT TACACATCCT	5280
	ATTTACTGTT TTTAAATTAC CATTCCATAA AAATTGATGA CACAGATAGT CGATTTGCAA	5340
	AACTAGTATA AATCAATATC ATTTTTTATT ATTAAAAAT AAAAAACGCC CATCCTCAAA	5400
25	AGGGACGAAC GTTATCGCGG TACCACCCTA GTTATAAATG CAATTCAACA CATTTATCAC	5460
	TTTAATTCGA CTATACAGTT GTGCATAAAG TAGCGTTCAC TAATGTTTGT TGTACTTTTC	5520
	ACCAACCAGT ACATCTCTGA TAAACAAATC ATTAACACT CATCTTTATA CGAATTTAAT	5580
30	TCTATTTTAG TTACATTTAC GCTTGTTGTC AACGTTCTAT AAAGTCATAC GGCGTGATTT	5640
	CTCCCATATT AATCATTGGG TCAATTTTAA ACATTGTAGC TTCCGTTAAT ACATTTGTAT	5700
	CTGTTTTTGT TGAATCAGAC ATAACTTCTT CACTATCATT CGATGACATT GGCGCTTCTA	5760
35	CTTGATCATC TATTGTCGTT TGTGAAGCTC CTGTATCATT AgTTGCTGTG TTTTCCAgCA	5820
	TTTCTTCATC TTCTGAATTA AAATAATTTT TCAACAATGT ACATAATTGT GTTAAACGCG	5880
	CTTGACCATT TGTTTTCAAT CCAATATCAA ATGCTTCCGG ATCACCAAGT AAAACTAAAC	5940
40	TCGTTTTTCG TCTAGTTAAA CCAGTATATA ATATCGGTCT TTGTAACATT CTAAAATACT	6000
	GTTTAACAAT AGGCATGATA ACAATAGGAA ATTCTGAACC TTGTGATTTA TGGATTGATG	6060
45	TACAATAAGC ATGTGTTAAT TCCATCATAT CTGTTTCGT AAATGTAATT TCATTACCTT	6120
	CAAAATCCAC AACAAGTACA TCTTTATTAA GGGCATTTC TTTGCCCCAA AAAATACCAA	6180
	CAATAACTCC TATGTCACCA TTGAATATGT TATCATTTGG CCTATTAACA AGTTGTAATA	6240
50	CTTTGTCACC TTTTCTAAAG ACTACATCAC CAACTCAAT TTCTCGTGTG TCTTTCTTTT	6300
	TAGGGTTTAA AATATCTTGT AAACTTGAT TTAAACGTTT AATACCGGCA TTTCTTTTAT	6360

	CTACCTTCTC	AACAACTGTT	GGTATTTGGT	TTGCCTGACA	GTTAATAAAA	CTTCTATCAT	6480
	GAAAACGCTG	TGTAATATCA	ATTTTCTGAC	CCAACTTCAT	TCGATGTGCT	AATTCTATAA	6540
5	TGCTTGAACC	ATCTTGTTGA	CGATATACTT	CAGTCAGATT	TACTCGTGGT	ATAGCTTTTCG	6600
	ATTCAATTAA	ATCTTTAAAT	ACTTGACCAG	GACCTACAGA	AGGCAATTGG	TCCTCATCAC	6660
	CTACAAATAT	CAATTGTGCA	TCTAAAGGAA	CTGCACTTAA	AAATTGGTGG	AACAACCAAG	6720
10	TATCTACCAT	AGACATCTCA	TCAATGATTA	TGAGTCGTGC	GTTTATTTCA	TTTTCTAATA	6780
	TATCCTCTGG	CTTTGTGTCT	TGATTCCAAC	CTATTAAACG	ATGAATCGTC	ATTGCTTCTA	6840
	ATCCAGTTGA	CTCTTGTAAGT	CTCTTAGACG	CTCTTCCTGT	TGGCGCTGCT	AATACAACTG	6900
15	GATAATCATC	ATTGACATAA	TCATCATAAT	CTAATGATAA	GCCATGAATC	TCAGCATATA	6960
	ATTCAACAAT	ACCTTTAATT	ACTGTCGTTT	TTCCTGTTCC	CGGTCCACCG	GTTAATAGCA	7020
	TCACCTTAGA	ATTGATAGCC	GTTTGCAAAG	CTTCTTTTGT	TGAAGCTGCA	TAGTTCACCTT	7080
20	GATTGCGATC	TTCTATTTCA	CCAATATGCA	TTTGTAATC	TGACTGTTCA	ATTTCTGTAA	7140
	GTTTATTTGT	ATGCGTCTTT	ATTCTGAATA	AGTTTTGAAC	ACTTTTGATT	TCaGAATAAT	7200
25	ACAACTTGG	AATTGCAACT	TGTTCaTTGT	CAATAATTAG	TCGTTTTTCC	TCATTTAAGT	7260
	ATTGCAACAT	TTCGTCTAAT	TTTTCAGGTT	CGATGACCTC	TTCATCTTGa	TAATTTAATA	7320
	CATCAACCGT	TAAATCTATA	ACAACATTGA	TAGGCAAATA	TGTATGTCCC	TGTTTAATAC	7380
30	ATTCTTCTTC	TAACGTATAG	AGCAACGCAG	CTTTAATCG	TTCATTATCG	TTATAAGCGA	7440
	TACCAATATT	TCTAGCAAGT	TGATCTGCTT	TATTAAAACC	AATACCTTTA	ATATCATAAA	7500
	TCAATTGATA	TGGATTTCGA	TCTAAAATAG	TCAGTGTATC	GCCGAGATAA	AACTGATAAA	7560
35	TTGCCATTGA	AAGTTTAGGA	CCAAACCCTA	AATCATGTAA	ACGAATCATT	ATTTTTTCAG	7620
	ATTCTTGATT	TGCTGAAATT	TGTTCTGCAA	TTTGTTTCTG	TTTCTTTTTA	GATAATCCCG	7680
	AAACTTTTTTC	TAGCACTGAA	TGGTCATCTA	ATATATCATT	TATCGCATTG	TCACCTAATG	7740
40	TATTAACAAT	ATTTTGAGCT	GTCTTTTTTAC	CTACACCTTT	AAACAAATCA	CTAGATAAAT	7800
	AACTTATAAT	TGCTTCTTTC	GTTTGTGGCA	TTTCTTTTTC	AAAAGTCTCT	GCTTTTAATT	7860
	GTTTACCATA	ACGTGGATGA	TCAACAACTT	GCCCTTTAAA	TGTGTAGACA	TCGCCTTCAA	7920
45	CAATATTCGG	AAGAAACCCT	ACAACAGTTG	GCATTGTATC	AAAGTCTTCA	TTTGTTTCAA	7980
	TAGTATCTAC	TTTAAGCACT	GTATAAAAAT	TATCACTGTT	TTGAAACAAT	ATCGCTTCAA	8040
50	CAGTACCTTT	GATCATTGAA	TAATCAAATA	GTGTAGGGTC	TGACATGTTA	CTCCTCCTCT	8100
	TTCATTTTAG	TGAATGTTTT	CAGCGCATGC	TGACTTAATA	AGTGTTTAGG	GTCGATAGTC	8160

55

	AAGCCCAAAT TGTATCTTGC ATCAACATGA TTTTATCAA TCGTTAATAC ATGTTTAAGT	8280
	TGAGTTATGG CTTCAATTAA CATTCTAAT TGACATAATA CAAGACCATA TTGAAATTGA	8340
5	ACTTCTGCAT CTTTGTCTTT ATCTAGTTCC GCAGCAGTCA TTAAATACGG CAATGCCAAG	8400
	CTTAAATGAT TCTAACTGAT TAAACGCCAT ACCGATCATA TAATTACAAT CAACTTGTTT	8460
	AATCTCTGTT TGTAATGCTT GTTGATATAA TTTAATAGCT TCTTGATAAC GTTGCTGATT	8520
10	ATAATATACA TTTGCTAGAT TAAAAAATAC GACGCCATTC TTCGGATCTA TTGTnAAAGC	8580
	TTTTTGGAAG AAACGCTCTG CCTTtyCAay CyCATTCgCA TCAGCAAGTA CGATmCCaGC	8640
	ATTAATATAA TTTTCAATAA TTGTAGGATT TTCTTCGATA TTTCCGAACA ATGCTTGTA	8700
15	CGCTTCTTCT ATTTTTCAT TTTGTATGTA TTGATAAATT GTTTGTTGAT CTATCATTTA	8760
	CGAACCTCAT TTCTCATCAA TTATAACATC TTGATAAATT GTATGTCTCG AATCACTTAA	8820
	CAACGAATAA AATATAATCT AATATCATCT TCATTCATGA AAAAGCGGGA ATGGAATAGA	8880
20	AATGCTTAAG AACCATTAA GGTATTATTAT GTAATGGTTC TTCCACATTA GCCACCACTA	8940
	TTATGTACTT AAAAATAAGA ATACATAATT AGATTCATGC ATAGGGAGTG GGACAGAAAT	9000
25	GATATTTTAA CAAAATTAAA TTCGTTATCC CCAACTGGCA TTGCCTGTAG AATTTCTTTA	9060
	CGAAATTCTC TATGTTGTGG TCCCGCCAAT ATAACATTGT AGAGCCTAGG ACATTGTGAT	9120
	GTCCCAGACT CTATCCTCAT GAATTATTCT CATCAAAAAC TGTCTTTCGT CATTTTCAAC	9180
30	GTTGAAACTT CAAATAAGTA ATTTATTGTT GCCATTGTTT ATACAACATA ATTTAATTGA	9240
	CCTTCATTTT TGAACACATC GTCAATTGTT GCACCACCAA GACACACATC ACCTTGATAA	9300
	AAAACAACTG CTTGTCCAGG TGTGATTGCT CTTACTGGCT CAGCAAAAGT AACACGTAGg	9360
35	CAtGGtCGTT TTCACGTTTC ACAAAAACCTT TCGTATCTTT TTGGCGATAT CTAAATTTAG	9420
	CTGtACATTTC AAAACCTTGA TCTAAGTCAT TATCTTCTGG ATTTACAAAT GAATAGTCTG	9480
	AAGCAATTAA GTAATCACTG TATAATGCAT CGTGATGGAA TCCTTGTTCT ACATATAAAA	9540
40	CATTATCTTT TAGGTTTTTA CCGACAACAA ACCAAGGATC GCCATCTCCA CCTATACCTA	9600
	ATCCATGTCT TTGTCCTATT GTGTAATACA TCAAACCACT ATGTTTACCC ATTTTCTTAC	9660
45	CATCAAGTGT TATCATATCA CCCGGTTGTG CAGGTAAATA TTGTGATAAA AATGTTTTAA	9720
	AGTTTTTTTC GCCGATAAAA CAAATGCCTG TAGAATCTTT TTTCTTAGCA GTAACAAGTC	9780
	CTTGTTCTTC AGCAATTCTG CGCACTTCAC TCTTTTCGAT GTCGCCAATT GGGaACATCA	9840
50	CTTTTGAAAG TTGTTGTTGA GATAATTGAT TCAAGAAGTA TGTTTGATCT TTATTATTAT	9900
	CTACACCACG TAACATTTCA ACATGACCAT CTTCATGACG ATGTATGCGT GCGTAATGTC	9960

55

	TTTCTTTATT ACACATAACG TCTGGATTG GAGTACGACC TTTTGTAT TCATCTAAGA	10080
	AATACGTAAA GACTTTATCC CAATATTCTT TTTCAAAATT AACAGCGTAA TACGGAATGC	10140
5	CAATTTGATT ACACACTTCA ATAACATCGT TGTAATCTTC AGTTGCAGTA CATACGCCAT	10200
	TTTCGTCAGT GTCATCCCAG TTTTTCATAA ATATGCCAAT GACATCATAA CCTTGTTCTT	10260
	TTAAGACGTG GGCTGTTACA GAACTATCTA CACCGCCTGA CATACCAACG ACAACACGTA	10320
10	TATCTTTATT TGACAATTAT GACTCCTCCT TAAATTTAAA ATATATTTTA TGAATTTTCA	10380
	CTACAATTGC ATTAATTTCA TTTTCAGTAG TCAATTCGTT AAAACTAAAT CGAATCGAAT	10440
	GATTTGATCG CTCCTCATCT TCGAACATTG CATCTAAAAC ATGCGACGGT TGTGTAGAGC	10500
15	CTGCTGTACA TGCAGATCCA GACGACACAT AGATTTGTGC CATATCCAAC AATGTTAACA	10560
	TCGTTTCAAC TTCAACAAAC GGAAAATATA GATTTACAAT ATGGCCTGTA GCATCCGTCA	10620
	TTGAACCATT TAATTCAAAT GGAATCGCTC TTTCTTGTA TTTAACTAAA AATTGTTCTT	10680
20	TTAAATTCAT TAAATGAATA TTGTTATCGT CTCGATTCTT TTCTGCTAAT TGTAATGCTT	10740
	TAGCCATCCC AACAATTTGC GCAAGATTTT CAGTGCCTGC ACGGCGTTTC AATTCTTGTT	10800
	CACCGCCAAG TTGAGGATAA TCTAGTGTA CATGGTCTTT AACTAGTAAT GCACCGACAC	10860
25	CTTTTGGTCC GCCAACTTA TGAGCAGTAA TACTCATTGC GTCGATCTCA AATTCGTCAA	10920
	ACTTAACATC AAGATGTCCA ATTGCTTGAA CCGCATCAAC ATGGAAATAT GCATTTGTCT	10980
	CAGCAATAAT ATCTTGAATA TCATAAATTT GTtGCACTGT GCCAaCTTCA TTATTTACAA	11040
	ACATraTAGa TACTAAAATC GTCTTATCTG tAATTGTTTC TTCAAGTTGA TCTAAATCAA	11100
	TAGCACCTGT ATCATCAACA TCTAGATATG TTACATCAAA ACCTTCTCGC TCTAATTGTT	11160
35	CAAAAACATG TAACACAGAA TGATGTTCAA TCTTCGATGT GATAATGTGA TTACCCAATT	11220
	GTTcATTGTC TTTTACTATG CCTTTAATTG CCGTATTATT CGATTCTGTT GCGCCACTCG	11280
	TAAATATAAT TTCATGTGTA TCTGCACCAA GTAATTGTGC AATTTGACGT CTTGACTCAT	11340
40	CTAAATATTT ACGCGCATCT CTTCCCTTAG CATGTATTGA TGATGGATTA CCATAATGCG	11400
	AATTGTAAAT CGTCATCATC GCATCTACTA CTTCAGGTTT TACTGGTGTG GTCGCAGCAT	11460
	AATCTGCATA AATTTCCATG TTTGGACACT CCTCACAATT TTATCAATGT TCCAATAATA	11520
45	GCACCTTACA TACTATTTTT CTACTTTTCT GTTTAACTTT ATTTATAATG TTTTAAATTA	11580
	TATTTTACCA TTTTCTACAC ATGCTTTTCG ATAGGCTTTT TTAAGTTTAT CGCTTTATTC	11640
	TTGTCTTTTT TATAAATTTT AGTATTTGCA GATATTTTTT TATTTGTAAA ATGTAACGTA	11700
50	CTATTATTTT GGTTATGAGC AATTTAATAT TTATCTGGTT ATTCGATTGG TATACTTCTT	11760

55



	GTCCCTATTC GAGAAGGTGA AGATGAACAA ACAGCAATTA ATAATATGGT TAATCTCGCA	11880
	CAACATTTAG ACGAATTATC ATATGAAAGA TATTGGATTG CTGAACACCA TAACGCTCCC	11940
5	AACCTAGTAA GTTCAGCAAC TGCTTTATTA ATTCAACATA CGTTAGAACA TACGAAACAC	12000
	ATACGTGTAG GTTCTGGAGG CATCATGTTA CCTAATCATG CTCCATTAAAT CGTTGCGGAA	12060
	CAATTTGGCA CGATGGCAAC ATTATTTCCA AATCGTGTCTG ATTTAGGATT AGGACGTGCA	12120
10	CCTGGAACAG ATATGATGAC CGcAAGTGCA TTAAGACGAG ATCAACATGA TGGTGTTTAT	12180
	AAATTTCCAG AAGAGGTTTC ATTATTACAA CAATATTTTCG GCCCTGCTCA CCAACAAGCA	12240
	TATGTTTCGTG CTTATCCAGC AGTAGGTAAA AATGTGCCTT TATACATTCT TGGTTCTTCA	12300
15	ACAGATTCTG CACATTTAGC TGCTCGCAA GGGCTTCCAT ATGTGTTTCGC TGGACATTTT	12360
	GCACCTCAAC AAATGAAAGA AGCTATCGAA ATTTACAAAA CGTTATTTGA ACCTTCTGAT	12420
	GTATTAGACG AACCTTATGT TATTGTATGT TTAAATACAA TCGTTGCTGA AAATGATGAC	12480
20	GAAGCACAAT ATTTAGCTTC ATCTATGGCA CAAGTAATGG TTAGTATCAC TCGTGGCAGA	12540
	ATGCAGCCCG TTCAACCGCC AACACATGAA CTACAAAATA TATTAACGCC GAGAGAATAC	12600
25	GCGATGGCTA TGGAAAGACA GAAAATATCA TTAATAGGTT CAGAAAATAC TGTTCACAA	12660
	AAAATTCAAG ATTTTATGGA AACTTATGGT GAAGTCAACG AAATTATGGC AATAAGTTAT	12720
	ATTTATGATA AAGATATGCA ATTAGACTCT TATCGTCGGT TCAAGAATGT TATAAATCAG	12780
30	ATAAATGAAA AAAACACTTT ATAATGTGAT AAATAAACTA AGTGAAAGTA TGTATCCATA	12840
	ATATTAATAA AAATATACAG TAACAGCATT TTGAATGAAA GATGTCTTTA TTGTTCAATC	12900
	ATTTATTTTA GTAATGATTC AAATTCACCT AAAATyCTAA tGCAAATATG AAAGCGCCCC	12960
35	TTCAcTTTAC ACTGTGTAAG TGTTTATTTG ATGGGGCGCT TTCAAAATAT TGAAAAGCAT	13020
	ATCCAAAATT TAAAGAAATT TATTTCTCTT TATCTTCATT TTCTTTTTTC TCTTCGTTAT	13080
	TCGATCCTGT ATATTCATTT ATCTTATCTT TTACATTTTT AACTTGTTCA TTATCGCTAT	13140
40	TTTTAAATTT TTCTACGCGT CTTTAGCTTT ATCCATAAAA CTCATATTAA TCGCTCCTCT	13200
	TATATTTGAT TAGTTTAATT GAACTTATTT TTTAAGTTTA TCAATTGCAT CAGTTATTTT	13260
45	GTTTTTAGCA TTTTCAACAA CTTCTTTTGC TTTaCCAGTC GCTTTATCTT GCTGACCTTC	13320
	TTTTTCTAAT TCTTTGTTAT CAGTAACGTT ACCTACTGTT TCTTTAACAT TTCCTTTAAA	13380
	TTGATCGAAC TtACTTTCGT CTGCCATAGT GAAACCTCCT TGGATGTATA TATTTATATA	13440
50	CCACTAAGGA GGTTCGCTmm mCayymyAAT ATGAAGTTTT TATGTTATAG TATAGTATTT	13500
	ATACGATTAA ATATAAAACA TGTATCCGTC TAAATCTTCA CTTGTATCTA CATATTCCGC	13560

55



TAGTTGTTTT TCGCAGGTG GTTCTGATTC AATACTTTCA ACAAATGTAA TTGGACCTTC 13680

TAACAGTCTT ATAATATCCC CTGCTGAGAT TTCTT 13715

5 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 196:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 10 (A) LENGTH: 873 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

15 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 196:

AAATCCATAA TGTGATGATA ATCTGCATAT GCTTCATATA ATTCAATCAT TGTGAATTCA 60  
GGGTTATGTC TAGTTGATAC ACCTTCATTA CGGAATACTC TACCAATTTC ATATACTTTT 120  
20 TCAAGTCCAC CGACAATTAm ACGTTTTAAA TGCAACyCAA TAGCAATACG CATGTATAaC 180  
GTTGCATCTA ATGCATTATG ATGTGTTACA AATGGTCTAG CAGCTGCTCC ACCAGCAATT 240  
TGGTGCATCA TAGGTGTTTC TACTTCCAAG AAACCTTTAT TATTTAAATA ATTACGCATT 300  
25 TCTTGAATGA TTTTACTACG ATTAATAAAT GTACGAGTGC TATCTTCGTT CGTAATTAAA 360  
TCTAAATATC TTTGACGATA tCTCTGTTCA ATATCCTGTA AACCGTGGAA TTTATCCGGT 420  
AATGGTCGCA ATGATTTAGT TAGTAGCGTG AATTTCTTCG CTTTAACCGA TAATTCGCCA 480  
30 GTATTTGTTT TGAACATTAC ACCTTCAACA CCAACGATAT CGCCTAAATC AGCATTTTTC 540  
CATAAATCAA ATTCGTCATC GCCAACTTGA TCTTTACGAA CGTAAATTG AATTTGTCCA 600  
GCTAAGTCCT GAACGTGTGC AAATCCTGCT TTACCTTTAC CACGCTTAGT CATTAAATCGT 660  
35 CCAGCTATAG CGACATGACT ATCCGCTTCT TTTTCTACCA ATTCTTCTTT AGAATACTGG 720  
TCCGACTCTT CTTTCAAATC ACTAGATAAA CCTGAACGGT CAAATTTAGA ACCAAACGGG 780  
TCTATACCAA GATCATATAA TTCTTGTAAT TtTTGACGTC GAACCAACAT TTGGTCATTC 840  
40 ATTTCTTCTG ACATAACTtT CTCTCCTTTA ACT 873

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 197:

45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 452 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 197:

55

ACCATAATAT GAATGGCTTC AGGATCAAAA TAAAGACCAA CTTCACTGCC TACTTCAGCT 120  
 TTTTGTAGTCG TTTGTATTAC CCATTTCATAA CCTTTATTGT CTATACAACA TATTTTCATAG 180  
 5 TGGACCCCTC TAAATAACAT AGAATCAACA GTTGCTTTAA ATAATCCTTC TTCAGCTTTG 240  
 ATTAATGATA TATCTTCTGG TCGAATAACG ACTTCTACTT TTTTATTTTC AGGAATACCC 300  
 ATATCGACAC ATTCGAAATC TTGCCCATAA ATATTCACGA CATAATCTCT AACCATGCGC 360  
 10 CCTTCAACAA TATTAGATTC TCCAATAAAA TCAGCTACAA ATCGATTAC TGGTTCGTCA 420  
 TaTATATCTG TTGGTGTGCC AAATTGTTGA AT 452

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 198:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2308 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 198:

25 TAGGTTGGGT TCTAACATAC GATAAAGCTC AACAAATCAA CACAGCTTTC TTTGTAAAAT 60  
 TGTTTAATAC TGCATTAGCA GAACGTGATT ATTATTTTAA TATAGATGGA ACAAATGCTT 120  
 TTAGATTATT TAATGCTGAA GGTGATGGTG TTGGGGGATT AACAATCGAC AATTACGATG 180  
 30 GTCATTGTGTT GATTCAATGG TACTCAAAAG GTATTTATAA ATTTAAATAT GCCATTCTTG 240  
 AAGCGGTTAG AAAAGTATTT GATTATAAAT CTATTTACGA AAAAGTAAGA TTAAAGACA 300  
 GCGAATATAG TGGTGGTTTT GTTGAAGGAG ATGCACCTGa GTTTCCAATT GTTATCGAAG 360  
 35 AAAACTTCAC ATTTTATAAT GTAGACCTTG AAGATGGTTT GATGACAGGT ATCTTTTITAG 420  
 ATCAAAAAGA AGTGCGCAAG AaATTAAGGG ATCAATATGC CAAAGAACGC CATGTTTTAA 480  
 ACTTATTTAG TTATACAGGT GCTTTTTCTG CAATAGCAGC AAGTGAGGCA TCTTCAACAA 540  
 40 CAAGTGTAGA TTTGGCTAAT CGTTCTCGTA GTTTAACTGA AGAAAATTTT GGATTAAATG 600  
 CTATTGATCC TAAATCCCAA TATATTTATG TCATGGACAC TTTTGATTTT TATAAATATG 660  
 CTGCACGACA TGGACATAGT TATGACACGA TCGTGATTGA TCCACCTAGC TTTGCGCGTA 720  
 45 ACAAAAACG TACATTTTCA GTGCAAAAAG ATTATGACAA ATTAATTAAAT GGCGCCTTAA 780  
 ATATCTTATC ATCTGAAGGA ACATTATTGT TATGTACAAA CGCAAGTGTA TATCCATTAA 840  
 50 AGCAATTTAA AAATACTATT AAAAAGACGC TTGAAGAGAG TGGCGTTGAT TATGAATTAA 900  
 CTGAAGTTAT GGGATTACCA AAAGATTTTA AAACGCATCC ACATTATAAG CCATCTAAAT 960

TATTGAGAAA AAGAAGGGTG ATAATATTAT GGGATTCAAA AACAATTTAA CATCAAATTT 1080  
 AACAAATAAA ATCGGTAATT CAGTCTTTAA AATAGAAAAT GTTGACGGAA AAGGTGCAAT 1140  
 5 GCCAACGACG ATTCAAGAAT TGAGAGAAAG ACGACAACGT GCTGAAGCAA TTGTAAAGAG 1200  
 AAAGTCTTTA ATGTCATCAA CAATGAGCGT TGTTCOAATT CCGGGTTTAG ATTTTGGTGT 1260  
 TGATTTAAAA TTAATGAAAG ATATTATCGA AGATGTTAAT AAAATTTATG GTTTAGATCA 1320  
 10 TAAGCAAGTT AATAGCCTTG GGGATGATGT GAAAGAAAGA ATTATGTCTG CAGCAGCAAT 1380  
 TCAAGGTAGT CAATTTATTG GTAAAAGAAT TTCAAATGCA TTTTAAAAA TTGTAATTAG 1440  
 AGATGTAGCT AAACGTACTG CTGCAAAACa AACAAAATGG TTTCCTGTTG TAGGACAAGC 1500  
 15 TGTGTCTGCA TCTATTAGTT ACTATTTTAT GAATAAAATT GGAAAAGATC ACATTCAAAA 1560  
 ATGCGAAAAT GTTATTAAAA ATGTCATGTA GGTGCTATAA TAGTTTTGCA ATTTGCAAAT 1620  
 TTTACTGAAA CCGGTTTTAA ACGAATTGAA TTAAAGcAT GGTTTTGGTA AAGTTAATGT 1680  
 20 ATAAACTAA GTTAGyATTG TAATAATATk GAAGATTCTA ACTATACGAA GGAGAAATGT 1740  
 AATTATGGAA CAAAATTCAT ATGTAATCAT CGACGAGAmT GGTATTCACG CTAGACCAGC 1800  
 25 AACAATGTTA GTACAAACAG CTTCAAAATT CGATTCTGAT ATTCAATTAG AATATAACGG 1860  
 TAAGAAAGTA AACTTAAAT CAATCATGGG TGTATGAGC CTTGGTGTG GTAAAGATGC 1920  
 TGAAATTACA ATTTATGCTG ACGGTAGTGA TGAATCTGAC GCCATTCAAG CAATCAGTGA 1980  
 30 CGTCTTATCA AAAGAAGGAT TGAATAATA ATCATGTCTA AATTAATTAA AGGTATTGCC 2040  
 GCATCTGATG GTGTCGCAAT TGCTAAAGCT TATTTATTAG TTGAGCCAGA CTTAACATTC 2100  
 GACAAAAATG AAAAAGTCAC TGATGTTGAA GGAGAAGTTG CAAAGTTCAA TAGCGCTATC 2160  
 35 GAAGCTTCTA AAGTTGAGTT AACTAAAATT AGAAATAATG CAGAGGTTCA ACTAGGTGCT 2220  
 GATAAAGCTG CTATCTTTGA TGCACaTTGG GGGGTGGTAG ATGACCCTGA ATTAATTCAA 2280  
 40 CCAATCCAAG ATAAGATTAA AAATGAAA 2308

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 199:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5559 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 199:

AAGTAATAAA TCGTCTCATT TGGCAACTGA CGCATAATTT CTTTAGCTAC TGTCAAACCT 60

	TTTAATTTTT AGTTTATCAT AACTAAGCAT TGGATTTTAG TATTATGCAC TGTGTTTACC	180
	ATTTTTGTCA TTATAATATT TATTTTAAAT CAGCCCACTA TCATATTGTC ATGTAATCTG	240
5	CTTATTAAAA AAATCCCTTC CAAGTTATTG TGTATCTCCA TTCAATTTAA TTTTGAAAGG	300
	AACATAACWT TTAACTCAA AAGGGATTAA TTTnTAnTCT ACTTCATGGT CTGAACCAAA	360
	GAATGATTTA AACATGTGGA ATGTTGTTTC TCTGTTCATT GCTGCAATGG ATGTTGTAA	420
10	TGGAATACCT TTAGGGCAAG CATTAAACACA GTTTTGTGAA TTACCACACT GCTGTAAGCC	480
	ACCAGTACCC ATTAATGCAT TTAAACGTTT ATCTTTAGTC ATAGATCCTG TTGGGTGCAA	540
	ATTAAACAAA CGAACTTGCG AGATTGCTTG TGCACCAACG AaTTTATTAT TTCAGTAAC	600
15	ATTAGGACAA ACCTCTAAAC ATACACCACA TGTCATACAT TTAGATAATT CATAAGCTGT	660
	TTGACGTTTT TTCTCTGGCA TACGTGGTCC CGGACCTAAA TCATACGTTT CATCAATTGG	720
	GATCCATGCT TTCATACGTT TTAAGTTATC GAACATTCTA GAACGATCAA CTTGTAAGTC	780
20	ACGGATAACT GGGAAAGTAT TCATTGGCTC TAAACGAATA GGTGTTCTA ATTGATCAAC	840
	AATCGCAGAA CAAGATTGTC TTGCACGACC ATTGATAACC ATAGAACATG CTCCACATAC	900
	TTCTTCTAAG CAGTTCATAT CCCAGACAAC AGGTGTTGTT TTTTCACCTT TAATATTAAC	960
25	TGGGTTACGT CTAATTTCCA TTAAACAAGC AATGACGTTT AAATTTTCAC GATATGGAAT	1020
	TTCAAATGTT TCTTCATAAG GCTTAGAATC ACTTGTATCT TGTCGTTTAA TAATTAATTT	1080
30	TACTGTTTTT TGTTTCGGTT TAGATTGTGT TTCATGTTGT GGAGTGTITT TCACTGATTG	1140
	TTCAGTCATT ATTTTTTACC CCCTTTAGAC TTAATTGTGT AATCACGTTT ACGAGGTGGT	1200
	ATTAAACTCA CATCGACGTC ATCATAAGTA AACTGCGGTT TTTCAAATGC GCCTTGGAAT	1260
35	GAGGCCATTG TCGTTTTTAA CCACTCTTCA TCATTACGCT CTGGGAATTC TGGTTTATAA	1320
	TGGGACCCGC GTGATTCGTT ACGGTTATAT GCACCAATCG TAATAACACG TGCAAGTACT	1380
	AACATGTTCC ATAGTTGACG GGTAAGAAT ACCGCTTGGT TACTCCAAGT TTGAGTATCT	1440
40	TCCATATCAA TATCTTCATA ACGTTTCATC AATTCAACAA TCTTTTTATC TGTTTCTAAC	1500
	AGTTTTTCAT TTCACGAAC AACAGTTACA TTTGCTGTCA TAATTTTACC AAGTTCACGG	1560
	TGTAATTTAT ATGCATTTTC TGTACCGCGC ATAGCTAATA ATTTATCAAA ACGTTCTTGC	1620
45	TCTTCAGCTT TACGCTTTTC AAAAATACTT TCGTCCATAT CAGTATATGA TCGATCAATA	1680
	TTTGAAATAT AATCAATCGC GTTTGGACCT GCTACTGTAC CACCATAAAT CGCTGATAAC	1740
50	AATGAATTGG CACCTAAGCG GTTACCACCA TGTTGAGAGA AGTCACATTC TCCAGCTGCA	1800
	AATAACCCTT TAATATTTGT CATTTGATCA TAATCTACAT ATAGACCACC CATTGAATAG	1860

55

	TAAATCTCAA TGATACCACC TAGTTTTACA TCTAACTCAT GTGGATCTTT ATGTGACAAA	1980
	TCAAGATATA CCATGTTTTTC GCCATTTATA CCTAATTTTT GGTAAATACA TACATCGAAA	2040
5	ATTTACGCG TTGCGATATC ACGAGGTACT AAGTTACCAT AATCAGGATA TTTCTCTTCT	2100
	AAGAAGTACC AAGGCTTACC ATCTTTATAT GTCCAAATTC GTCCACCTTC ACCACGTGCT	2160
	GATTCACTCA TTAGTCGCAG TTTATCATCA CCAGGGATTG CAGTAGGATG AATTTGAATG	2220
10	AACTCACCAT TAGCATAAAT AGCGCCTTGT TGGTAAACAA TGGAAGCCGC TGATCCTGTA	2280
	TTAATCATTG AGTTTGTTGT TTTACCGAAA ATAATACCAG GGCCACCCGT TGCCATAATA	2340
	ACTGCATCTG AACCAAATGT TTCAATCTCA GCAGTTGTCA TATTTTGTGC ATCGATACCT	2400
15	CTTGCACTAT CATCGTCACC TTAACTATG CCAAGGAATT CCCATCCTTC ATACTTCGTA	2460
	ACTAATCCAT CTACTTCATA TGCACGAACT TGTTTCATCCA ATGCATATAA TAATTGTTGT	2520
	CCAGTTGTTG CCCCTGCATA TGCTGTTCTG TGATGTAATG TACCACCGAA ACGTCTAAAA	2580
20	TCTAATAGAC CTTCAATTTGT TCTATTGAAC ATTACGCCCA TACGGTCTAA TAAATGAATA	2640
	ATTTTAGGTG CTGCCTCTGT CATCGCTTTA ACAGGTGGTT GGTTTGCAAG GAAATCGCCA	2700
	CCATACACTG TATCATCAA GTGAATCCAA GGAGAATCGC CTTCCCCTTT AGTATTGACC	2760
25	GCACCATTAA TGCCACCTTG GGCACAAACA GAGTGCGAAC GCTTTACTGG TACAACTGAG	2820
	AACAAATCTA CATGTGCACC TTTTCTGCC GCTTTAATTG TTGACATTAA GCCCGCTAGG	2880
30	CCACCTCCGA CAACAATAAG ATGTTTCTCT GCCATAAAAA TTTCACCTCC CTAAATTTTC	2940
	AATCTATATT TGTTAAATGC GATGTATTAC ATAAAGGCAA TAATTGCAGT AACACCAATA	3000
	TACGAAATAA CTAAAAATAC GATTAATGAA ACCCATGTAA ATACTCGTTG TGATTTTGGA	3060
35	GATTGAAGTC CACCCCAAGT AACTAAGAAT GACCATAAGC CATTTGCAAA GTGGAACACA	3120
	ACAGCAATAA TACAAATAAT ATAAAATATT GCCCATCCAG GATGTTGCAA TGTTTCGTGC	3180
	ATTAAATCGT AATTCACCTC TTTGCCGTAA AATGCTTTTT GTAAACGTGT TTGCCATAAA	3240
40	TGGATACCAA TAAAGATAAA TGTTAAGATA CCACTCACTC TTTGGAAGAA GAACATCCAG	3300
	TTTCTAAAAA TCGAGTAATG TCCAACATTT TCTTTTGCTG TAAATGCAAT GTGTATACCA	3360
	AACAAACCGT GATATAACAA CGGAATGTAT ATAAATAAAA ATTCTACAAT AATTAGAAAT	3420
45	GGTAATGATT CCATAAAGTT AGATGCCTTA TTAAACGCTT CAGCACCTTG TGTTGCTTGG	3480
	TGATTCACTA ATAAATGAAC GACCAAAAAT GCACCTATTG GGATAATACC TAATAACGAG	3540
50	TGAATACGTC TTAGATAAAA TTCATTTTTT GATTGAGCCA AAAGGAGTCC CCCCTGTGAA	3600
	CGAATATTTA ATTTATTGAG CTATTTATAT TAAACGTACG CTTAACCCCC TAAAGTGATA	3660

55



	CGATCACCAA ACTGCATGTC GAACAATGTA ACATTTGGAT TCGATATTTA AAATTGCTTG	3780
	TGATGATAAA CTTTCTCATT TAGAAAACGC TTCCACGTAC ATTCAAAAAA ATAACTTTGT	3840
5	TAACCATATT GTAACATTAT TTCATATATT TTGGGGCATG AGAATGATTC TCACGCCCAG	3900
	TAATTTATTT ATGCAATTGT TCATGTAGGT TCTTTGCGAC GTTTTCAGGA ATACCTATAT	3960
	TTTTAAAATC TTCAAGTGTA GCTTCCTTCA TTTTCTTGAT TGAACCGAAT GAACGCAATA	4020
10	ATAATGTTTT ACGTTTGTTA CCGATACCAT CTATATCATC AAGTATTGAT TTCAAGCCTG	4080
	TCTTTTGACG TGTTTGTCTA TGAAATGTGA TTGCGAATCT GTGAACCTCA TCTTGGATAC	4140
	GGTGCAACAA ATAAAATGCC TGGCTATTTT TCTTCAGTGG TACAATTTCT GCACTAGCGC	4200
15	CATATAATAA TTCAGATGTT TGGTGTTTAT CATTTTCTG CAAACCTGCA ACAGGGATAT	4260
	CAAGACCTAA TTCGTTTTGT AGCACATCAA TAACCCCGTT CATATGTCCT TTACCACCAT	4320
	CTACTATTAT TAAATCAGGT AATGGTAATC CTTTCGTTTAA AACGCGAGAA TATCGTCGTC	4380
20	TTACTACTTC TCTCATTGAT TTGTAATCAT CTGGACCTTT AACCGTTTTG ATTTTATACT	4440
	TTCTATAATT TTTCTTATCT GGTTTACCGT CGACAAATGT AACCATTGCT GACACTGGAT	4500
	CCACACCTTG AATATTAGAA TTATCGAATG CTTCAATTCT AATTGGTGTT TGAATTCCCA	4560
25	TTTGTGTTCC AAGTTCTTCA ATAGCTTTAA TCGTTCTGGA CTCATCACGT GATATTAATT	4620
	CAAATTTATT ATTTAAGGAT ACTTTAGCGT TATGTGCAGC TAGGTCAACC ATATCTTTTT	4680
	TGGGACCTCG CGCGGGTTGA ACGATTTTAG TGTCCACAAC AGATTGAATC ATTTCTTTAT	4740
30	CCAAATTACG TGGTACATGA ACTTCCTTAG GTAAAATATG TTGGTTTAAG CTATAAAATT	4800
	GTCCAATAAA TGTATAAAAT TCTTCTTCTT CTGTTTGCTG TAATGGAATC ATCGTTGTAT	4860
35	CTCGCTTTAT CATATTACCT TGTCGTATAA AGAAACTTG GATACACATC CATCCTTTAT	4920
	CAACACTATA ACCAAAGACA TCACGAATCG TTTTATCTGA TGACATAATT TTTTGTTTGT	4980
	TTGTTCAGATT TTGAATATGT TGAATTAAAT CTCTATATTC TTTAGCCCGT TCAAAATCAA	5040
40	GTGATTCACT TGCAGTTAAC ATTCGCTCTT CTAAACTTTT TAAAATTGTT TTGTCTTCCC	5100
	CATTCAGAAA ATCAGTAATT TCCTTCGTCA TTTGTGCGTA TTTACTCAAA TCAACGTCAT	5160
	ATACACATGG TCCTAAACAT TGTCCAATAT GGTAATAAAG ACATAATTTA TCTGGCATCT	5220
45	TATCACATTT GCGATATGGA TATATTCTGT CTAATAACTT TTTAGTTTCT TGAGCAGAAT	5280
	ATGCATTCCG ATACGGTCCG AAATATTTGC CAGTACCTTG TTTTACAGTT CTCGTCACTA	5340
50	GTAGTCTAGG ATATTTCTCC TTCGTAATTT TAATAAATGG ATAACTTTTA TCATCCTTTA	5400
	ATAATATATT ATATCTTGGT TGATATTGTT TAATCAGATT CAATTCCAGT AAAAGTGATT	5460

55

TTTTAGCATC ATGAGCACCC GTAAAATATG ATCGCAATC

5559

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 200:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 4594 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 200:

15	AAATCAATCG AGTGGCATGT CAAGGTCATA TCAATATTTT AGAATCTGCG ACTATGAGAG	60
	AGGAAATAAA TGAAATTGCG CGACGTATCA TCGTTGATAT TCGTGATAAG CAATTACGAT	120
	ATCAAGATAT TGCTATTTTA TATCGTGATG AATCTTATGC TTATTTATTT GATTCCATAT	180
20	TACCGCTTTA TAATATTCCT TATAATATTG ATACAAAGCG TTCGATGACA CATCATCCGG	240
	TCATGGAAAT GATTCGTTCA TTGATTGAAG TTATTCAATC TAATTGGCAA GTGAATCCAA	300
	TGCTACGCTT ATTGAAGACT GATGTGTTAA CGGCATCATA TCTAAAAAGT GCATACTTAG	360
25	TTGATTTACT TGAAAATTTT GTACTTGAAC GTGGTATATA CGGTAAACGT TGGTTAGATG	420
	ATGAGCTATT TAATGTCGAA CATTMTAGCA AAATGGGGCG TAAAGCGCAT AAATGACCG	480
	AAGATGAACG TAACACATTT GAACAAGTCG TTAAGTTAAA GAAAGATGTC ATTGATAAAA	540
30	TTTTACATTT TGAAAAGCAA ATGTCACAAG CGGAAACTGT AAAAGATTTT GCAACTGCTT	600
	TTTATGAAAG TATGGAATAT TTCGAACTGC CAAATCAATT GATGACAGAG CGAGATGAAC	660
	TTGATTTAAA TGGTAATCAT GAAAAGGCGG AGGAAATTGA TCAAATATGG AATGGCTTAA	720
35	TTCAAATCCT TGATGACTTA GTTCTAGTAT TTGGAGATGA ACCAATGTCG ATGGAACGTT	780
	TCTTAGAAGT ATTTGATATT GGTTTAGAAC AATTAGAATT TGTTATGATT CCGCAAACAT	840
	TGGACCAAGT AAGTATTGGT ACGATGGATT TGGCTAAAGT CGATAATAAG CAACATGTTT	900
40	ACTTAGTAGG TATGAATGAT GGAACGATGC CACAACCAGT AmTGCGTCAA GCTTGATTAC	960
	AGATGAAGAA AAGAAATACT TTGAACAGCA GGCTAATGTC GAGTTAAGTC CAACATCAGA	1020
45	TATTTTACAG ATGGATGAAG CATTTGTTTG TTATGTTGCT ATGACTAGAG CTAAGGGAGA	1080
	TGTTACATTT TCTTACAGTC TAATGGGATC AAGTGGTGAT GATAAGGAGA TCAGCCCATT	1140
	TTTAAATCAA ATTCAATCAT TGTTCACCA ATTGGAAATT ACTAACATTC CTCAATACCA	1200
50	TGAAGTTAAC CCATTGTCAC TAATGCAACA TGCTAAGCAA ACCAAAATTA CATTATTTGA	1260
	AGCATTGCGT GCTTGGTTAT ATGATGAAAT TGTGGCTGAT AGTTGGTTAG ATGCTTATCA	1320

	GTTTGACAAT GAAACTGTAA AATTAGGTGA AACGTTGTCT AAAGATTTAT ATGGTAAGGA	1440
	AATCAATGCC AGTGTATCCC GTTTTGAAGG TTATCAACAA TGCCCATTTA AACACTATGC	1500
5	GTCACATGGT CTGAAACTAA ATGAGCGAAC GAAGTATGAA CTTCAAAACT TTGATTTAGG	1560
	TGATATTTTC CATTCTGTTT TAAAATATAT ATCTGAACGT ATTAATGGCG ATTTTAAACA	1620
	ATTAGACCTG AAAAAAATAA GACAATTAAC GAATGAAGCA TTGGAAGAAA TTTTACCTAA	1680
10	AGTTCAGTTT AATTTATTAA ATTCTTCAGC TTACTATCGT TATTTATCAA GACGCATTGG	1740
	CGCTATTGTA GAAACAACAC TAAGCGCATT AAAATATCAA GGCACGTATT CAAAGTTTAT	1800
	GCCAAAACAT TTTGAGACAA GTTTTAGAAG GAAACCAAGA ACAAATGACG AATTAATTGC	1860
15	ACAAACATTA ACGACAACCTC AAGGTATTCC AATTAATATT AGAGGGCAAA TTGACCGTAT	1920
	CGATACGTAT ACAAAGAATG ATACAAGTTT TGTTAATATC ATTGACTATA AATCCTCTGA	1980
	AGGTAGTGCG ACACTTGATT TAACGAAAGT ATATTATGGT ATGCAAATGC AAATGATGAC	2040
20	ATACATGGAT ATCGTTTTAC AAAATAAACA ACGCCTTGGA TTAACAGATA TTGTGAACCA	2100
	GGTGGATTAT TATACTTCCA TGTACATGAA CCTAGAATTA AATTTAAATC ATGGTCTGAT	2160
	ATTGATGAAG ATAAACTAGA ACAAGATTTA ATTAAAAAGT TTAAGTTGAG TGGTTTAGTT	2220
	AATGCAGACC AAAGTGTAT TGATGCATTG GATATTCGTT TAGAACCTAA ATTCACCTCA	2280
	GATATTGTAC CAGTTGGTTT GAATAAAGAT GGCTCTTTGA GTAAACGAGG CAGCCAAGTG	2340
30	GCAGATGAAG CAACGATTTA TAAATTCATC CAACATAACA AAGAGAATTT TATAGAAACA	2400
	GCTTCAAATA TTATGGATGG ACATACTGAA GTTGCAACCAT TAAAGTACAA AAAAAATTG	2460
	CCATGTGCTT TTTGTAGTTA TCAATCGGTA TGTCATGTAG ATGGCATGAT TGATAGTAAG	2520
35	CGATATCGAA CTGTAGATGA AACATAAAT CCAATTGAAG CAATTCAAAA TATTAACATT	2580
	AATGATGAAT TTGGGGGTGA GCAATAGATG ACAATTCCAG AGAAACCACA AGGCGTGATT	2640
	TGGACTGACG CGCAATGGCA AAGTATTTAC GCAACTGGAC AAGATGTACT TGTTGCAGCC	2700
40	GCGGCAGGTT CAGGTAAAAC AGCTGTACTA GTTGAGCGTA TTATCCAAAA GATTTTACGT	2760
	GATGGCATTG ATGTCGATCG ACTTTTAGTC GTAACGTTTA CAAACTTAAG CGCACGTGAA	2820
	ATGAAGCATC GTGTAGACCA ACGTATTCAA GAGGCATCGA TTGCTGATCC TGCAAATGCA	2880
45	CACTTGAAAA ACCAACGCAT CAAAATTCAT CAAGCACAAA TATCTACACT CCATAGTTTT	2940
	TGCTTGAAAT TAATTCAACA GCATTATGAT GTATTAAATA TTGACCCGAA CTTTAGAACA	3000
50	AGCAGTGAAG CTGAAAATAT TTTATTATTA GAACAAACGA TAGATGAGGT CATAGAACAA	3060
	CATTACGATA TCCTTGATCC TGCTTTTATT GAATTAACAG AGCAATTGTC TTCAGATAGA	3120

55

AATCCTACAA ATTGGTTGGA TCAATTGGTG ACACCATACG AAGAAGAAGC ACAACAAGCG 3240  
 CAACTTATTC AACTACTAAC AGACTTATCT AAAGTATTTA TCACAGCTGC TTATGATGCT 3300  
 5 TTAAATAAGG CGTATGATTT GTTtagtatg ATGGATAGCG TCGATAAACA TTTAGCTGTT 3360  
 ATAGAAGATG AACGACGTTT AATGGGGCGT GTTTTAGAAG GTGGCTTTAT TGATATACCT 3420  
 TATTTAACTG GTCACGAATT TGGCGCGCGT TTGCCTAATG TAACAGCGAA AATTAAAGAA 3480  
 10 GCAAATGAAA TGATGGTCTGA TGCCTTAGAA GATGCTAAAC TTCAGTATAA AAAATATAAA 3540  
 TCATTAATTG ATAAAGTGAA GAGTGATTAC TTTTCAAGAG AAGCTGATGA TTTGAAAGCT 3600  
 GATATGCAAC AATTGGCGCC ACGAGTAAAG TACCTTGCGC GTATTGTGAA AGATGTTATG 3660  
 15 TCAGAATTCA ATCGAAAAA GCGTAGCAAA AATATTTTGG ATTTTCTGA TTATGAACAT 3720  
 TTTGCATTAC AAATTTTAAC TAATGAGGAT GGTTCGCCTT CAGAAATTGC CGAATCATAC 3780  
 CGTCAACACT TCCAAGAAAT ATTGGTCGAT GAGTATCAAG ATACGAACCG AGTTCAAGAG 3840  
 20 AAAATACTAT CTTGCATCAA AACGGGTGAT GAACATAATG GTAATTTATT TATGGTTGGA 3900  
 GATGTTAAGC AATCCATTTA TAAATTTAGA CAAGCTGATC CAAGTTTATT TATTGAAAAG 3960  
 TATCAACGCT TTAATATAGA TGGAGATGGC ACTGGACGTC GAATTGATTT GTCGCAAAAC 4020  
 25 TTCCGTTCTC GAAAAGAAGT ACTGTCAACG ACTAACTATA TATTCAAACA TATGATGGAT 4080  
 GAACAAGTCG GTGAAGTAAA ATATGATGAA GCGGCACAGT TGTATTATGG TGCACCATAT 4140  
 GATGAATCGG ACCATCCaGT AAACTTAAAA GTCCTTGTTG AAGCGGATCA AGAACATAGT 4200  
 GATTTAACTG GTAGTGAACA AGAAGCGCAT TTTATAGTAG AACAAGTTAA AGATATCTTA 4260  
 GAACATCAAA AAGTTTATGA TATGAAAACA GGAAGCTATA GAAGTGCGAC ATACAAGGAT 4320  
 35 ATCGTTATTC TAGAACGCAG CTTTGACAA GCTCGCAATT TACAACAAGC CTTTAAAAAT 4380  
 GAAGATATTC CATTCCATGT GAATAGTCGT GAAGGTTACT TTGAACAAAC AGAAGTCCGC 4440  
 TTAGTATTAT CATTTTAAAG AGCGATAGAT AATCCATTAC AAGATATTTA TTTAGTTGGG 4500  
 40 TTAATGCGCT CCGTTATATA TCAGTTCAAA GAAGACGAAT TAGCTCAAAT TAGAATATTG 4560  
 AGTCCAAATG ATGACTACTT CTATCAATCG ATTG 4594

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 201:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 6313 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

	GGTTTTCTTG	GAAAGATAGT	GAAAATCTCG	TGTTTTTTGG	TTTTgAGGTG	TTGTTTGTAT	60
	TTTaTAAAT	GGCTTACATA	TATGAAGCGT	TGATTAAGTA	TGGAATTGTT	AATTAATTGA	120
5	ACCTATTTAG	CTTTAAGAAG	GCATAACAAG	ATGACCTTAT	TTTATGCTAT	AATATTTCTA	180
	TTATGCGAAG	ATTAAGGTGA	GTAGTAAATT	GGATAAAAAA	GTAAGTATTC	AAACAAAGCA	240
	AGTGTTGAAA	CAGCACAACG	AAAAAGAAAA	ATTTGAATTT	ACTACTGAAG	GAACCTGGCA	300
10	ACAAAGGCAA	TCTAACTTTA	TTCGGTATGT	AGAACAAATT	GAGGATGCAA	CAGTTAATGT	360
	TACAATAAAA	GTGGATGATG	ATAGCGTTAA	GTTGATTTCG	AAAGGCGACA	TTAATATGAA	420
	TTTGCATTTT	GTTGAAGGAC	AAACGACAAC	AACTTTTTTAC	GATATATCGG	CTGGACGAAT	480
15	TCCACTAGAA	GTAAACAT	TACGCATTTT	ACATTTTCGTA	AGTGGAGACG	GTGGCAAGCT	540
	AAAGATTCAT	TATGAATTAT	ATCAAGATAA	TGAAAAAATG	GGTTCTTATC	AATATGAAAT	600
20	TAACTATAAG	GAGATAGGCG	AATGAATATT	ATTGATCAAG	TGAAACAAAC	ATTAGTAGAA	660
	GAAATTGCAG	CAAGTATTAA	CAAAGCAGGA	TTAGCAGATG	AGATTCCTGA	TATTAAAATT	720
	GAAGTTCCTA	AAGATACAAA	AAATGGAGAT	TATGCTACTA	ATATTGCGAT	GGTACTGACT	780
25	AAGATTGCAA	AGCGTAATCC	TCGTGAAATT	GCTCAAGCGA	TTGTTGATAA	CTTAGATACT	840
	GAAAAAGCAC	ATGTAAAACA	AATTGACATT	GCTGGTCCAG	GATTCATTAA	TTTTTACTTA	900
	GATAATCAGT	ATTTAACAGC	AATTATTCCT	GAAGCAATTG	AAAAAGGTGA	TCAATTTGGA	960
30	CATGTAAATG	AATCAAAAGG	TCAAAATGTA	TTGCTTGAGT	ATGTTTCAGC	TAACCCTACA	1020
	GGAGATTTAC	ATATTGGTCA	TGCTAGAAAT	GCAGCAGTTG	GTGATGCTTT	AgcTAAtATT	1080
	TTAACTGCAG	CTGGCTATAA	TGTAACACGT	GAATATTATA	TTAATGATGC	TGGTAATCAA	1140
35	ATTACTAACT	TAGCGCGTTC	GATTGAAACA	CGTTTCTTTG	AAGCTTTAGG	TGACAATAGT	1200
	TATfCAATGC	CAGAAGATGG	CTATAATGGA	AAAGATATTA	TTGAAATAGG	TAAAGATTTA	1260
	GCAGAGAAAC	ACCCTGAAAT	TAAAGATTAT	TCTGAAGAAG	CACGTTTGAA	AGAATTTAGA	1320
40	AAATTAGGCG	TAGAATACGA	AATGGCTAAA	TTGAAAAATG	ATTTAGCAGA	GTTCAATACG	1380
	CATTTTGATA	ATTGGTTTAG	TGAAaCATCT	TTATATGAAA	AAGGAGAAAT	TCTTGAAGTT	1440
45	TTAGCAAAAA	TGAAAGAATT	AGGTTATACG	TATGAAGCTG	ATGGCGCTAC	ATGGTTACGT	1500
	ACAACCTGATT	TTAAAGACGA	CAAAGACAGA	GTATTAATTA	AAAATGACGG	TACATATACG	1560
	TATTTCTTAC	CAGATATTGC	GTACCACTTC	GATAAAGTAA	AACGTGGTAA	TGACATTTTA	1620
50	ATCGATTTAT	TTGGTGCTGA	TCATCATGGT	TATATTAATC	GTTTGAAAGC	ATCTCTTGAA	1680
	ACGTTTGGTG	TAGATAGTAA	TCGTTTAGAA	ATTCAAATCA	TGCAAATGGT	TCGTTTAATG	1740

55



	ATTATGGACG AaGTTGGCGT TGACGCTGCA CGTTATTTCT TAACTATGCG TagTCCTGAT	1860
	AGTCACTTTG APTTTGATAT GGAATTAGCG AAAGAGCAAT CTCAAGACAA TCCAGTTTAC	1920
5	TATGCTCAAT ATGCACATGC GCGTATTTGT TCAATTTTAA AACAAGCGAA AGAGCAAGGT	1980
	ATTGAAGTGA CTGCTGCGAA TGATTTTACA ACGATTACTA ATGAAAAAGC GATTGAATTG	2040
	TTGAAAAAAG TAGCTGATTT CGAACCTACA ATTGAAAGTG CTGCTGAGCA TAGATCGGCA	2100
10	CATAGAATTA CTAATTATAT TCAAGATTTA GCTTCTCATT TCCATAAATT CTATAATGCT	2160
	GAAAAAGTGT TAACAGATGA TATTGAAAAA ACAAAGCAC ATGTTGCTAT GATTGAAGCG	2220
	GTCAGAATTA CATTGAAAAA TGCATTGGCA ATGGTCGGTG TAAGCGCACC TGAATCAATG	2280
15	TAAGAACATT TATATACACT CCAACGTAGA GTTTCTCGAA AGATACTTTG TGTGGAGTG	2340
	TTTTTTTtag GTATGTGACA TATTGGGGAA TGCTTAGTAT GTGAATAAGG TTAAGAGGAA	2400
	CACAGTTGGA TGCTCTGCAC AACTGCATAA GAGAGCCTGA GACATAAATC AATGTTCTAT	2460
20	GCTCTACAAA GTTATAATGG CAGTAGTTGA CTGAACGAAA ATTCGCTTGT AACAAGCTTT	2520
	TTTCAATTCT AGTCAACCTT GCCGGCGGGG CCCCAACAAA GAGAAATTGG ATTCCCAATT	2580
25	TCTACAGACA ATGCAAGTTG GGGTGGGACG ACGAAATAAA TTTTACGATA ATATCATTTC	2640
	TGTCCCACTC CCTCTAAAAT GGAGGGTGTA AATGTTAGGA ACTGATGAAT TATATAAAGT	2700
	TTTATATGAA CATCTCGGAC CACAATTTTG GTGGCCTGCT GATAATGACA TTGAAATGAT	2760
30	GTTAGGTGCA ATTTTAGTTC AAAATACTAG ATGGCGAAAT GCAGAAATTG CATTGAATCA	2820
	GATTAAAGAA CATACGCATT TTAATCCAAA TCATATATTA GAACTACCTA TTGAAACGTT	2880
	ACAATCATTG ATACATTCAA GTGGCTTTTA TAAAAGTAAA TCACTGACGA TTAAAACATT	2940
35	ATTAACATGG TTAGCACGAC ATCATTTCOA TTATCAAGAG ATTAATGAGC GATATAAAGG	3000
	TGGATTAAGA AAAGAATTAT TATCTTTGAA AGGTATTGGA AGTGAAACAG CAGATGTCTT	3060
	ACTTGTTTAT ATATTCGGAC GTATTGAATT TATTCCAGAT AGCTATACAA GAAAAATATA	3120
40	TGATAAATTA GGATATGAAA AACTAAAAA TTATGATCAA TTAAAAAAG TAGTcaCATT	3180
	ACCAAATCAT TTTACAAATC AAGATGCTAA TGAATTTTAT GCTCTGTTAG ATGTATTTGG	3240
45	TAAACATTAC TTTAGAGACA AAGATATAAA GAATTATGAT TTTTtagAAC CTTACTTTAA	3300
	AAAGTAAACG CTGTGAAGTT AGATAGATGA GTTTATATGA AATATAAAAA ATAATTTACT	3360
	ATTTTCTTTT AGTATGTGGA CTTATATAAT AAATAGAAGC ATATAAAGAA AAAAACAGTT	3420
50	GTTTGTGTTGT GCAGCAACTG CATAAGAGCC CCTAATCGCT AAAGCTCAAG GGGAGTAAAG	3480
	GAATACAGTT GTTTGTGCAG CAACTGCATA AAAGCCTCTA ATCACTAAAG GTGAAGAGGA	3540

55



	AACGCAGTTG	GATgCTACCG	CACAACTGCA	TAAATCCCTC	TaATCgcTAA	AGCGAAAAGT	3660
	GGGATTAAAA	AGGAGATGTG	ATAGTGTGAA	GAAATCGTTA	ATTGCTTTTA	TTTTGATTTT	3720
5	TATGCTTGTC	CTGAGTGGCT	GTGGTATGAA	AGATAATGAT	AAACAAGGTA	GCAATGATAA	3780
	TGGCTCGTCT	AAATCGCCGT	ACCATAGAAT	TGTTTCGTTA	ATGCCTAGTA	ATACTGAAAT	3840
	TTTATATGAA	TTAGGATTAG	GTAAATACAT	AGTTGGTGTT	TCAACGGTTG	ATGATTATCC	3900
10	AAAAGATGTG	AAAAAGGGTA	AGAAACAATT	TGATGCTTTG	AATCTAAATA	AAGAGGAACT	3960
	TTTAAAGGCA	AAGCCAGATC	TAATTCTTGC	GCATGAGTCG	CAAAAGGCAA	CTGCTAATAA	4020
	AGTATTGTCA	TCATTAGAGA	AACAAGGCAT	CAAAGTAGTG	TATGTTAAAG	ATGCACAATC	4080
15	AATTGATGAA	ACTTACAACA	CATTTAAGCA	AATTGGGAAA	TTAACGCATC	ATGATAAGCA	4140
	GGCTGAACAA	CTTGTTGAGG	AAACTAAAGA	TAATATCGAT	AAAGTCATAG	ATTCAATTCC	4200
	TGCTCATCAT	AAAAAATCAA	AAGTATTTAT	TGAGGTTTCA	TCAAAGCCTG	AAATATATAC	4260
20	AGCAGGGAAG	CATACATTTT	TTAATGATAT	GTTAGAAAAA	TTAGAAGCCC	AAAATGTGTA	4320
	TAGTGACATT	AATGGTTGGA	ACCCTGTAAC	GAAGGAAAGT	ATTATTAAAA	AGAACCCAGA	4380
25	TATATTAATT	TCGACGGAAG	CTAAGACAAG	ATCAGATTAT	ATGGATATCA	TCAAAAAAAG	4440
	AGGTGGATTG	AATAAAATTA	ATGCTGTCAA	GAATACACGT	ATTGAAGTTG	TAAATGGTGA	4500
	TGAAGTATCA	AGACCAGGTC	CACGTATTGA	TGAAGGATTA	AAAGAATTAA	GAGATGCAAT	4560
30	TTATAGAAAA	TAAACCATTG	TAATTATGCC	CCTTATTGCT	ACATGTAAAA	AATACATGTT	4620
	TGAGATAAGG	GGTTTTTaAA	ATATATTTAG	TGAATGATAG	CAACGCGAGT	ATGTGATTGC	4680
	TATAATGAAT	GTAATTATCG	ATGAACAaAA	GAGAATGCTA	TGACATTTAA	TAAAGTATTA	4740
35	TTGAGCTGGa	TAGTCmTATT	GATTATAACA	ACTAGCATAT	ATCTATTTTG	GCAGTTGGGC	4800
	GATATCAATG	ATGTATTTAA	CCAGTCTATT	TTAATCAATG	TTAGATTACC	GAGATTATTA	4860
	GAAGCATTGT	TGACAGGTAT	GATATTAACT	GTTGCAGGCC	TTATATTTCA	AACAGTTTTA	4920
40	AATAATGCAT	TGGCAGATAG	CTTTACATTA	GGATTGGCAA	GCGGCGCTAC	ATTTGGTTCA	4980
	GGATTAGCAT	TATTTTtagg	TTAACAACG	TTATGGATTG	CTGTATTTTC	AATAACATTT	5040
45	AGTTTGATAA	CATTAAATAAC	TGTATTAGTC	ATTACGTCGG	TATTGAGCCA	AGGCTATCCA	5100
	GTTAGAATCT	TAATATTAAG	TGGTTTAATG	ATTGGTGCGT	TATTCAATTC	ACTTCTATAT	5160
	TTTTTGATTT	TATTAAAACC	TCGCAAATTA	AATACAATTG	CCAATTATCT	GTTTGGTGGT	5220
50	TTTGGTGATG	CAGAATACTC	AAATGTATCT	ATAATAGCAA	TCACATTTAT	CATTGCATTG	5280
	TTTGGTATAT	TTATCATTCT	TAATCAACTA	AAGTTATTGC	AATTAGGAGA	ACTAAAAAGT	5340

55

5 ATAACGGCGA TAAATGTCGC ATATGTTGGC ATCATTGGAT TCATTGGTAT GGTGATACCG 5460  
 CAACTCATT A GAAAATGGCA GTGGAAACAA TCATTAGGAA GACAATTGGC TTAAATATT 5520  
 5 GTAACGGAG GACAAATAAT GGTATGGCA GATTTTATTG GTAGCCATAT ATTGTCACCA 5580  
 GTACAAATAC CGGCAAGTAT TATCATTGCA TTAATTGGTA TACCAGTGTT AtTTTACaTG 5640  
 CKAaWAtCtC aGTCgAAAcG GTTACaCTAG CACACGACaT TTGCTAAAAT AAAAATAACT 5700  
 10 ATAAACATAA AGAGGGCATA AGCGATGGAT TTGAATCAAA TTAAAGCAGT TGTATTTGAT 5760  
 TTAGAAGGTA CGTTGTTGGA CAGAGTTAAA TCTCGAGAGA AATTTATCGA AGAGCAATAT 5820  
 GAACGATTTC ATGACTACTT AATTCATGTT CAACTGGCAG ATTTTAAAAA AgCATTATT 5880  
 15 GAGCTAGATG ACGATGAAGA TAATGATAAA CCTGATTAT ATAAAGAAAT CATTAAACGT 5940  
 TTCCATGTAG ATAGGTTAAC TTGGAAAGAC TTATTTAATG ATTTTGAAAT GCATTTTAT 6000  
 CGTTATGTAT TTCCTTATTA CGATACTTTG TATACTAG AAAAgCTATC GCAAAAAGGC 6060  
 20 TTTCAAATTG GTGTTATCGC AAATGGTAAA TCTAAGATTA AACAAATTCG ATTACATTCA 6120  
 CTTGGTTTGA TGCATGTTAT TAATTATTTA TCAACATCAG AACAGTTGG TTTTCGTAAA 6180  
 CCACATCCTA AAATTTTGA AGATATGATT GATCAACTAG GGGTATTACC TGAGCAAATT 6240  
 25 ATGTATGTTG GCGATGATGC GTTAAATGAT GTAGCTCCAG CACGAGCTAT GGGCATGGTT 6300  
 AGTGTATGGT ATA 6313

30 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 202:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 2174 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 202:

40 CCGTAAACAC ATCAACAAAA GAAGGCTATA TTACAAAAGA AGACTTGGAC TTATGCTGCA 60  
 CGTCGCTCTA ATTCAGCTGG AATGCAAGTC ACCGGACGAC TGGCTTACAT TGAACCTTAT 120  
 GGGGCAACAA GTCGCACAAA ATAAACGCGC GAGAAGCaAG AATAGGAAGT GATATCTATG 180  
 45 AAATGGTTAT CACGAATATT AACAGTAATA GTGACCATGT CtATGGcGTG TGGTGCATTG 240  
 ATATTTAATC GTAGACATCA GCTAAAGGCG AAAACGCTGA ACTTCAATCA TAAAGCATT 300  
 50 ACAATTATTA TTCCGGCTAG AAACGAAGAA AAAAGAATAG GTCATTTACT ACATTCGATA 360  
 ATACAACAGC AAGTTCCAGT AGATGTCATT GTTATGAATG ACGGATCGAC AGATGAAACA 420

55

	AAATGGTATG GGAAATCACA TGCTTGTTAT CAAGGTGTGA CGCATGCATG TACGAATCGC	540
	ATTGCCTTTG TAGATGCTGA TGTAAC TTTC TTAAGGAAAG ATGCTGTTGA AACGTTGATT	600
5	AATCAGTATC AATTACAAGG TGAAAAAGGA TTGTTAAGCG TACAGCCTTA TCATATAACA	660
	AAGCGTTTCT ACGAAGGGTT TTCAGCGATA TTTAATTTAA TGACAGTCGT TGGTATGAAT	720
	GTATTTTCTA CCTTAGACGA CGGTCCGACT AACCAGCATG CATTTGGACC GGTGACATTA	780
10	ACAAATAAAG AAGATTATTA TGCAACTGGA GGTCAATAAA GTGCAAACCG TCATATTATT	840
	GAAGGATTTG CTTTAGGAAG TGCATATACT TCACAATCAT TGCCCGTAAC AGTTTATGAA	900
	GGGTTTCCAT TTGTTGCATT TCGCATGTAT CAAGAAGGAT TTCAGTCATT ACAAGAAGGA	960
15	TGGACAAAGC ATTTGTCAAC TGGGGCAGGT GGCACAAAGC CTAAGATCAT GACAGCAATT	1020
	GTGTTGTGGT TGTTTGGTTC TATAGCGAGT ATTTTAGGGC TATGTCTTAG TTTAAAATAT	1080
	CGCCAAATGT CTGTAAGAAA AATGGTAGCA CTTTACTTGA GCTATACTAC ACAATTTATT	1140
20	TATCTGCATC GAAGGGTCGG CCAATTTTCT AATTTATTAA TGGTATGTCA TCCATTGTTA	1200
	TTTATGTTTT TTAATAAAAT TTTCATCCAA TCTTGGAAC AAACGCATCG TTATGGTGTA	1260
25	GTTGAATGGA AAGGTCGTCA ATATTCTATA TCTAAAGAAC AATAAATCAA GGTAATGGCA	1320
	TTTCAATATA GGAGGACTAG TATGACAATG ATGGATATGA ATTTTAAATA TTGTCATAAA	1380
	ATCATGAAGA AACATTCAAA AAGCTTTTCT TACGCTTTTG ACTTGTTACC AGAAGATCAA	1440
30	AGAAAAGCGG TTTGGGCAAT TTATGCTGTG TGTCGTAAAA TTGATGACAG TATAGATGTT	1500
	TATGGCGATA TTCAATTTTT AAATCAAATA AAAGAAGATA TACAATCTAT TGAAAAATAC	1560
	CCATATGAAC ATCATCACTT TCAAAGTGAT CGTAGAATCA TGATGGCGCT TCAGCATGTT	1620
35	GCACAACATA AAAATATCGC CTTTCAATCT TTTTATAATC TCATTGATAC TGTATATAAA	1680
	GATCAACATT TTACAATGTT TGAAACGGAC GCTGAATTAT TCGGATATTG TTATGGTGTT	1740
	GCTGGTACAG TAGGTGAAGT ATTGACGCCG ATTTTAAGTG ATCATGAAAC ACATCAGACA	1800
40	TACGATGTCC CAAGAAGACT TGGTGAATCG TTGCAATTGA TTAATATATT AAGAGATGTC	1860
	GGTGAAGATT TTGACAATGA ACGGATATAT TTTAGTAAGC AACGATTAAA GCAATATGAA	1920
	GTTGATATTG CTGAAGTGTA CCAAATGGT GTTAATAATC ATTATATTGA CTTATGGGAA	1980
45	TATTATGCAG CTATCGCAGA AAAAGATTTT CAAGATGTTA TGGATCAAAT CAAAGTATTT	2040
	AGTATTGAAG CACAACCAAT CATAGAATTA GCAGCACGTA TATATATTGA AATACTGGAC	2100
50	GAaGTGAGaC AGGCTAACTA TACATTACAT GAACGTGTTT TTGTGGaTAA GAGGAAAAAG	2160
	GCAAAGTTGT TTCA	2174

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4715 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 203:

10	GAAnCAGnTA GACAAATTAT GGaAAmCGGT GTGAATCaAG GATTCTTTGG TGTAGCTGGT	60
	TTTGACCTAC TCGTCGATGA GGATGATAAC GTTTATGCCA TTGATTAAAA CTTTAGACAA	120
	AATGGTTCaA CGAGCATGTT ATTACTTGCT AACGAGTTGA ATTCAGGATA TCAAAAGTTT	180
15	TATAGTTATC ATTCAAAAGG TGATAACACA CATTTCTTCA ATACGATTTT GAAATATGTC	240
	AAAGAAGGTA GTTTATACCC GTTATCTTAT TATGATGGTG ATTGGTACGG TGAAGATAAA	300
	GTAAATCAA GGTTTGGCTG TATTTGGCAT GGTGATTCAA AAGAAACAGT ACTGGAGAAT	360
20	GAACGCGCAT TTTTAGCTGA ACTTGAACAC TATTAGAGTT CGGAACATAA GGCGCTACAA	420
	TGTTGTGTTG CCAGTAGTTG ACTGAATATG CGTTTGTAAC AAGCTTTTTT CGATTCTAGT	480
	CAACAGTAAT TAAATTTATG ATATGGCAAT ACTTTGTAAT ACTAATATTA AATGGCGACT	540
25	TTTATTTTAC TATGTTATAA GAGTTGCCAT TTTGTTGATA AAGGTATACT AAAGGTTATC	600
	GTTTTGAAAT TTTTAGTAAC TAGATATGTT TCGTGTTATA GACCGAATTT GTGTATACGT	660
30	AAAATTTAAT GCTATTGAAT TTTTAAATG AAAAACATGA CATTAAATTG AATTCATAAT	720
	ATGTCTAATT GACTAACTTG TTGGAGTCAT TTACTATTTT ATGTATGACA TATTTTAAAA	780
	AGTGAGGGTC AAGCATGTCT TATAAAGCAT ATCCATTCTT TAGAGATATA TTAATAAATG	840
35	AATGTATTTA TTTCGCCTCT AAAAATAAAA AACTAGTACG CCTAAATTAT AAAAGTGAAG	900
	CGnATGTAGG CGTTTGGACA GAAGAAAGTG TGGCCGTATC ATTTTTAACA AGTCGTGATA	960
	TTCCATTTGA TAAAGTTGTA AAAATGGACG TTGATCGTTT TGCTACTTAT GAATTAGATG	1020
40	AATTGTTTGA TGAACAAGAC CATATTATTA TGAATCAAAC AATGGAAGAw GAAGGGCATC	1080
	TACTAAACGT TGTAGCTGTT ACACAAGAAG TGATGACGGA ATTAGATAAA ATTAGAATCA	1140
45	AAGAATTTGT CCAAGATGTA GCGAAATATG ATGAAGTATA CGGCTTAACT AAAAAAGGTA	1200
	GTAAGCAGTT TATTCTCATT AGTGAAAATG ATAGCGACGA AAAAAAGCCG CATATTATGC	1260
	CTGTATGGAG TATTA AAAAC AGAGCGTTAA AAGTTCGAGA TGAAGATTTT GAAGAGTGTG	1320
50	ATTTAATTAC GATTGAAGGT TCTGTTTTTCG GAGAATGGCT AGATGAACTT AGAGATGATC	1380
	ATAAAGCCGT TGCGATAGAT TTA AAAACTG GCGTGGTTGG TACAATTGTT TCAGCGCAAA	1440

	ATGGAACAAT ACGTATTCAA AACACTTAGA CCATAAAATA AAAGGCCATT TATATAGCGT	1560
	TTATTTAAAA CAACGCGCAT ATAAATGGTC TTTTCTATT TTTCTAAATA TAATGCACCA	1620
5	ATAGCACCTG TAAAAATGCGC CGTTTTCAAC ATAGTACGGT TTGCAACCGC GTAACACAGT	1680
	ATAATCTTCC ACAACTTTGC GTAATAAAGC GTTATTATGA AATGAAGAAC CGATATAAAC	1740
	GATATTTTCA GTTTTAAATT CACGTGCAAC AGTAATGGCC ATTGTCGTAA CAACTTCGCC	1800
10	AACGACACCA ATAACGGCTG CTAATTTATT GCTAGGTGTA AAATCAGCAT CTAAATGATG	1860
	TAGTACATGA CCAAAATTAG CTGCTGTAA ATCACCAGGA ATGGGTGGTT CGGTATCTTT	1920
	ATAAATATGT CTAACCTTTA AATCGATAGT GTTACGATCA CCGTGTTGTG CCATGTCAGT	1980
15	TAAGTGTGTTA TAATCAGTGA TTTGACTTAG TAAATAACCG AGTCCTTGAA TCATGCCTCC	2040
	ACCTGTACCG ATACCGCCTA CACGACGTTG TGATTGGCCG TCGAAATAAT GTAGTGACGT	2100
20	ACCGGTACCA ACATTTGCAA AAATATAATC TGCTAAGTCA TGGCCTTGCT CTTTAAACAA	2160
	AATACCTAGT CCTTGAGATG CAGCATCAAA CTCTACAAAA ATTTGTGCAG GAATGTTGAT	2220
	GTTTTAGCA ATGACACCTG CATTACCTCC AGTTAAGCAT AATTTTTCAA TTTGCTGTTG	2280
25	GTTTAACCAT TCCACAACCTT GATCAATATT TTTAGTTAAT TCAGTTTTAA AAGTACGTTG	2340
	GTTATCTTGC TCTTGAACGA TTTTAATTAG TGTACCGCCA GCGTCAATGC CAACTTTCAT	2400
	AAGATTCCCA CCTCATTATT AATGTCTATC CTAAATAAT AGTATAGTAA AATGACTAAA	2460
30	AAACAAGTAA TAATAGTAAT TATTAACAAA TTTGATGCCA TTGCATTTC AATTGTAAG	2520
	CGTATCGCAA TTAATGTTTT ACAACGTGG ACGTTAAGT ATATATATTA TTTTCTAGGA	2580
	ATTTTGAAGT TGTATAGGAT TGTTAGTTAG TGACGCAATA TTAAGTAG TTCGTACGCA	2640
35	GTGTATTTGT AAGTCTCTGA TTAAGATGAT AAGTAATGAG GAATAGTACA TTAATTTTGA	2700
	AATTTAAAA ATATAAATA GTAATTTATT TAACTTAGAG CAAATAATGG TATCGTAGTG	2760
	AAATAATAGG TAAATAATA TGGGATTCA TGCTTCATAT ATAAAAAGAT AGGGGTTAAA	2820
40	TATATGGCTA AAGAACTTTG TTTTGAAGGT ATCACTTTAA AAGCATTGTA TGAACAATAT	2880
	CGTTCAGCAA TTAATGATTT TGAATTGAAT GAAAGACAAC AAATATATTC ATCTTTACCT	2940
45	AAAGAAGTTA TTGATGATGC AATTAATGAT GCTGATAGGA TTGCTAACGT AGCAwTAAmC	3000
	GATAAAAATG AAGTGGTGGG CTTTTTTGTA TTACATCGTT ACTATCAGCA TGAAGGTTAT	3060
	GATACACCTG AAAATGTCGT TTATATTCGT TCATTATCGA TTAATGAAAA ATATCAAGGT	3120
50	TTTGGATATG GCACGAAAAT AATGATGTCA TTGCCGCAAT ATGTTCAAGG TGTATTTCTT	3180
	GATTTTAATC ATCTATATCT AGTAGTAGAT GCGGAAAATG ACAATGCTTG GAACCTATAC	3240

55

CTATATTACT TGGACTTAGA TTCAAAACAT GTTTCATCAT TAAAGCTTGA AGAAGAAAGT 3360  
 CGTTCAGAAG TGACCAATGT ACATATCATT AATTTAATGA TTGATGGCCA AAAGGTTGGC 3420  
 5 TTTATCGCAT TGGAGCAGAT TGGTGAACGC ATGAACATTG CTGCTATTGA AGTGGATAAA 3480  
 TCATATCGCT TTAATGGTAT TGGTTCAAGT GCTCTGCGAC AATTGCCAAC TTACTTAAGA 3540  
 AAAA ACTATG ACAACCTTAA TGTGATTACG ATGATTCTGT TTGGAGAGAA TAATGATTTT 3600  
 10 AAACCATTAT GTTTAAATAG TAATTTTCGTT GAAATCGAAC AAAC TGATGA TTATGTCGTT 3660  
 TTCGAAAAAT ATTTAAATTA CTAACAGTGA TTGCGAAATA TGATATTGTC ATTTATAATT 3720  
 TAGTTTTGTT ACTATATATA AATGAATTCA GACGTATAAA TTTAGATTAT ATCCTTCGAA 3780  
 15 AGGAAGTATT GGGCAATGAA AATTCAAGAT TATACAAAAC AAATGGTTGA TGAAAAATCA 3840  
 TTTATTGATA TGGCTTATAC ATTATTGAAT GATAAAGGCG AAACAATGAm mTTATATGAT 3900  
 20 ATYATCGATG AATTTAGAGC GTTAGGTGAT TATGAGTACG AAGAAATTGA AAATCGTGTT 3960  
 GTACAATTTT ACACGGATTT AAACACAGAT GGTTCGTTTTT TAAATGTTGG AGAAAATTTA 4020  
 TGGGGATTAC GTGATTGGTA TTCGGTAGAT GATATTGAAG AGAAAATCGC ACCAACTATT 4080  
 25 CAAAATTTCG ATATTCTGGA TGCAGATGAT GAAGAAGATC AAAACTTAAA ATTATTGGGC 4140  
 GAAGATGAAA TGGATGACGA CGATGATATT CCAGCTCAAA CAGATGATCA AGAAGAACTA 4200  
 AATGATCCAG AAGATGAGCA GGTGAAGAA GAAATCAATC ATTCGGATAT AGTCATTGAA 4260  
 30 GAAGATGAAG ATGAACTAGA CGAAGACGAA GAAGTGTTTG AAGACGAAGA AGACTTCAAC 4320  
 GATTAATTTT TTGTTTGA CT TTTAGTTGAA AGATGATAAA ATTTTATTTCG GGCTCCTTTA 4380  
 AATAGGACAC GTGTATAAAA TTTATACGCT CCCCTTACAG AATTTGTGAG AGGGAGCGTT 4440  
 35 TTTTtATTTA ATTGAGTAAA TCAAGAAATG ATAACGCAA AATCAAAGTT GTAAATGATA 4500  
 TACA TAGTGA CATAGCAGTA TGGAAACGGT AAGTAAACAG AATTTAATTT TGTCGAtTCG 4560  
 40 ACAAtAAaCA aCTtGAaTGA GCTTGCTTTA ATGTTATGTn nTACGTAATT TTTACAATTG 4620  
 ATGAGGAAGC ATTCCCTTTA ATAATTAGGA GGTCAAGACA TGACAAAATT TATTTTTGTA 4680  
 ACAGGTGGCG TAGTTTCATC CATTAGGGGA AGGGT 4715

45 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 204:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 918 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - 50 (D) TOPOLOGY: linear

55



ATAATAACTG AAATTAAAAT TGCTAAATmG TGTtaAgCTA TCGCmACAAT GAAAATwCCG 60  
 ATTTTGCGTT GTTGAAAATA TCTTTCCAAA CCAAGAATCG ATAATGGCAA TAAATATAAT 120  
 5 AAATTTCCAT AAAATGACCA AGTAAAATTA AAGTATATAA CGACAGTTGA CATGCCGTAT 180  
 AAAATCGTAG CGATCATATT TGCTGAGCGT TTAAAGTGTA ATATTTTAAA TAAGTAGAAG 240  
 GTCACGACAA ATGTTATGAT AGCTCGTATC ATAGCCATAA TAAGTTGGTT TGTCGGCCAA 300  
 10 AAATGTATTG TCGTCGGATT AAATATACCA ACCGTTTCTC CTATTTTAAT GAAKAGAAAA 360  
 TTTAGCCACA TTAAAGGTGA CAGCGAATAA TAATmTGATA GTCCTTTCAT ATAATCGCCA 420  
 CCTAmTCCAA ACGATGCATC ATrTAAACTA GAAnAACTAC GTAGATGTTT ATACAnATAC 480  
 15 ATTTGAAATG GCATCATTTG ACGGAATCCA TCTCCAGCCC CGCTAAAAAC AGTACCATTTC 540  
 ACAATATAAT CATAGATATG AGTAGAAAAT AAAATAAGCG TTAATATTAC ACTAATGAAA 600  
 GTTATAACAA AGAATTGTTT GACGTTTGAA TTTAGCCACT TTTTAAACAC AACATTATCC 660  
 TCAACTTTCA AATTTAAAAT TAAGTTTAAAC TGAAACTAAA GTTAATGAGG TTCTTGATAG 720  
 GTAAAGACGA AGATGACTGT GGAACAGATA CCTTATCATA GTTACTTAAA CTTTGATCA 780  
 25 TTTTCAGTTT ATCATTAAAC AAATATATTG AATAATAAAa aTGTCATACT GATAAAGATG 840  
 AATGTCACTT AATAAGTAAC TTAGaTTTAA CAAATGATGA TTTTAAATTG TAGAAAACCTT 900  
 GAAATAATCA CkTATACC 918

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 205:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 16397 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 205:

TCGCCCNATA ATCAATTTAT TTTTCATGTG CCACTCCTAT ACAAGCTnAC AATGCTTCTT 60  
 CAGTTAAGGC AATATCTTTT AATTTTGTTT GATATTTTGT TTCAAAGTCA TATTGTAAC 120  
 45 GAACAATTTT TGGCAAACCA ATATGCCAAT CCGCCAATTT TTTTFTAyCT TtGAAGAGCT 180  
 CTTTTGGTGA TGkTTGcGAC ACTATACTAC CTTCTTTCAT AACGATGACT TCATCTGCAT 240  
 AACGCGCGAC TTCATTATA TCATGTGAAA TTAGGATAAT TGCCTTATTT TCATCTGTTT 300  
 50 GTAGTGACTT TAGTAATCTC ATTACTTGTC GTTTACTTTG TGGATCAAGT CCTGCTGTAG 360  
 GTTCATCAAC CACGATAATA TCAGGATTCA TTGCCAATAT CGATACAATC GCTATTTTAC 420

	AATCCATCAA CAGACGATGG GCATAGTTTT TGGCTTCATC TAAATTCATT TTAAAGTTTT	540
	TAGGTCCAAA TATCATTTCA CGCTCTACTG TGTCCCTCAA TAATTGAGAT TCGGGAAATT	600
5	GAAATACCAT TCCAATTCTT TTTCTTACAG GTCTAATATA TTTATCTTTG GTCTTATGTG	660
	TAATAGTAAT GTCATCAACT GTAACGTGCC CAGTAGTCGG CTTTAACAGC GCATTAATAT	720
	TTTGTATCAA CGTTGATTTA CCACTACCCG TTTGTCCAAC GATGGCGTAA TATTTACCTT	780
10	GTTCAAATTC TGTATTAACA TCATGAATAG CTTGATGCTG ATATGGTGTC CCTTTTGTGAT	840
	AGGTATAACT TACATTGTCA AACCGTATAG TCATAGTTGA TCCACCAGCC CTTCATAAGT	900
	TAAGAATGAT GTTTGGTGTC CCAGCATTTG ATTTATTTTG ATTGGGAATG GCAAATCTAG	960
15	ACCTATTCTT GTTAACTCTT CTGCATTGTC GAAAATTTCA GTCGCTGTGC CTTCTTTATA	1020
	GACAGTCCCT TTATTCATAA CGATAACATG ATCTGCTTCC ATCGCCTCAG ATAAATCATG	1080
	CGTAATAGAA ATGATTGTAA TATTATGTTC TGATTTAACT TTTCTCACTA AATCCAATAA	1140
20	ATTTTGACGT GCATCAGGAT CTAACATAGA AGTCGCCTCA TCTAATATAA TGACAGAGGG	1200
	GTTAAGTGCT AATACACTTG CTATAGCCAC ACGCTGCTTC TGTCCCCCG ATAATGCATT	1260
	AGGTTCATAA TCTGCACGTT CTAACATATC AACTTGTTTA AGTGCTTCGC TGACTCTTCT	1320
25	ATGCATTTCTG TCATATGGAA CCGCATGATT TTCGAGTCCA AATGCCACAT CGTATTTTAC	1380
	AATTGAACCA ACAAATTGAT TATCCGGATT CTGAAATACA ATTCCTATGT CTTTTCTTAA	1440
30	CTTTTCAAAA TTATCATCAG TTATAGCTTG ATTATTATAA AAAATTTCTC CAGATTTAAC	1500
	TTTCTCTATG CCAATCATTA ACTTGGCAAT TGTAGATTTT CCAGAACCGT TATGACCAAC	1560
	AATAGATGTC CACTGACCTT TAGGTATATT AAAAGAAACA TCTTTCAATG TGAAGGATGC	1620
35	ATCACTTTGA TATTGAAATG AAACATTTTT AAATACAATA ACTGAATTCT TATCCTCCAC	1680
	TTGTCTCTCT CCTTTACGAT TCGTGTATCT ATCATATTTT ACAATATTTA TAAATCGCTG	1740
	TATATGACAT TGACTGGGTT CTCTATATAT TACTAGTATT TTCTGACTCA TTTCTAGTCT	1800
40	TTAAAGTGTT GTTTAACAAC TAATGATAAG GACTTTTATT CCTCTCTAAC AATTATGTAT	1860
	AAACGTTAAT AAAATAAATG ATTTACTAAT ATAGGGGTGG TCGCGTTTGA TTCAACGATA	1920
	ATACTTTCAC TTCATTCAGT TCTAGTGAAA TTGATCAAAC TAGCTTCATC ATATTTTATG	1980
45	ATTCGCACTC AAAAAAGTAA ATATAAAGAA ATCGGACTTA AAAACATTTT TGTTCATAAG	2040
	TCCGATATTT TATTCAATAA AAAAGCGCGC ACCCCATCAT AAGTTTGTTG AGTTCACGCT	2100
50	TTAAATCTTT ATTTAGTTGA TGGGGTACTC TGAGCTAGAC AATATTTGTA TGTGGCAAAC	2160
	ATTATCGTTG CACTCATTTG CTTTATATAA AAGTAGTTAG TGTATTTATA TAAATTCTTA	2220

55

	ACGAGTGTAA CCACCTTGAC GTTCTGTGTA AcGCTCTGCG ATTTACACCA ATAATTTTGT	2340
	AAGTGCAGTT TGTGTAGTTT CATCTTCGTT TAAGATTICA ACATTACGTA AAGTTTGTAGC	2400
5	TGCATTACGA CGAGAAGCTA AATCTCCTTT TTTACCTAAA GTGATTAATT TCTCAACAAC	2460
	ACTGCGAACT TCTTTTGCAC GAGCTTCTGT AGTTTCAATA CGTTCACATA TAATAAGTGA	2520
	TGTAGCTAAG TCACGTAACA TAGCTTTACG TTGATCAGAA GTACGACCTA ATTTTCTGTA	2580
10	ACCCATGAGT TAACCTCCTT TATCAATCTT CTTTCTTAA TCCTAATCCT AAATCTTCTA	2640
	ATTTGTATTT AACTTCTTCT AAAGATTAC GACCTAAATT ACGCACTTTC ATCATGTCAG	2700
	CTTCAGATTT GTCAGCTAAC TCTTGAACAG AATTGATTCC TCGCGCTTTT AAGCAGTTAT	2760
15	ATGAACGTAC AGATAAGTCT AATTCTTCAA TAGACATTTC TAATACTTTT TCTTTTGTAT	2820
	CTTCTTCTTT TTCAATCATG ATTTACGCGT TTTGCGCTTC ATCAGTAAGA CCAACGAAGA	2880
	TATTCAAGTG TTCAGTCATT ATTTTGTCTG CTAATGAAAC TGATTCTTGT GGTGTGATTG	2940
20	AACCATTAGT CCAAACATCC AATGTTAATT TATCAAAATC ACTGCTTTGA CCTACACGTG	3000
	TATTTTCAAC AGTATAGTTC ACACGTTCAA CAGGTGAATA CAATGAATCA ACAGGGATTA	3060
	CACCAATTGG TAAATCACTA GTATTATTTT GTTCTGCTAA TGCGTAACTT CTACCCTTGT	3120
25	TAGCAACTAG ACGAATTTTT AAGTGACCAC CTTTAGATAC TGTGCAATT TTAAGCTCTG	3180
	GGTTTAAAT TTCAACATCA CTATCATGTG TAATGTCGCT TGCTGTTACT TCGCCTTCAT	3240
	CACGTACATC AATTTCTAAA GTTTTATCTT CTTAGAGTA AATTTTCAAT GCTAATTGTT	3300
30	TAATGTTTAT AATAATTGTA GAAACATCTT CAACTACATT GTCTACTGCT GAGAATTCAT	3360
	GTAAAACTCC CTCAATTTCA ATATACTTAA cGGCTGCACC TGGTAATGAA GATAGTAGGA	3420
35	TACGACGTAA GGAGTTTCCT AGTGTAGTAC CGTAGCCACG TTCTAGTGGT TCAACAACGA	3480
	ACTTACCGAA TTTAGCATCT TCACTAATTT CAATTGTCTC AATTCTAGGT TTTTCGATTT	3540
	CTATCATTTA AATATCCTCC TTATATACGT CGACTTAATT TAAAATGTTT GCTCAGTGAC	3600
40	CTGTAACAAT ACCATCATAA ATTATACACG ACGACGTTTT GGTGGACGAC AACCGTTATG	3660
	AGGTACTGGA GTAACGTCTC TGATCGCAGT TACTTCTAAA CCTGCAGATT GTAATGCACG	3720
	AATAGCTGAT TCACGACCTG GACCAGGTCC TTTAACTGTT ACTTCAACTG TTTTAAACC	3780
45	ATGCTCCATA GCTGATTTAG ATGCAGTTTC AGAAGCCATT TGTGCTGCAA ATGGTGTGTA	3840
	TTTTTTAGAT CCTTTGAATC CTAATGCACC AGCTGATGAC CATGATAAAG CATTACCGAA	3900
	CTCATCAGTG ATAGTTACAA TAGTGTTGTT GAATGTTGAA CGGATGTGTG CTACACCATT	3960
50	TTCAATATTC TTTTTCCTC TACGTTTACG AGATACTTGT TTACGTGCCA TTTAAAATTT	4020

55

	CGCGCGT <del>k</del> GT TTTTCGTTTT TTGACCACGA ACTGGTAAAC CACGACGGTG ACGGATACCC	4140
	ACGGTATGAT GAAATTnCCA TTAAAcGTTT GATATTTAAG TTAGTTTCAC GACGTAAGTC	4200
5	ACCTTCGACT TTATAACCGT CTACAACCTC ACGGATGCCA CCTAATTCGT CATCAGTTAA	4260
	ATCTTTCACA CGAGTATCAG CTGATACGTT AGCTTCTTCA AGAATTTTTT GAGCAGTTGA	4320
	CGTACCGATA CCGTATATAT AAGTTAATGA GATAACTACG CGTTTTTCAC GTGGAATATC	4380
10	TACTCCTGCA ATACGTGCCA TATTAATTTA CACCTCTCTT TTATTAACCT TGTCTTTGTT	4440
	TGTGTTTTGG ATTTTCACAA ATTACCATTA CTTTACCTTT ACGTTTAATG ACTTTACATT	4500
	TTTCGCAAAT AGGTTTTACT GATGGTCTTA CTTTCATTTT TATACCTCCC TATATTATGG	4560
15	AGTGACGATT ATTTATAACG ATAAGTAATT CTTCCGCGTG TTAAATCGTA CGGAGACATC	4620
	TCAACAGTTA CTTTGTCGCC AGGTAGAATA CGAATGTAAT TCATTCTGAT TTTACCACTT	4680
20	ACGTGAGCnA AAATCTCATG ACCATTTTCT AATTCTACTT TAAACATTGC GTTCGGTAAA	4740
	GTATCTAATA CAGTACCTTC TAATTCAATT ACATCTTGTT TAGCCATTGA TTAACCTCCC	4800
	CCTTTTTGCA ATAGTAAGGT AATCGTCAAT AGACAACTTT ATTGTTACGA ATCTATCAGT	4860
25	GATTAATTTT ATAAGTTAAA CAAAATTAC GGAATTAAT TATCGTTAAT TGCCACTCTC	4920
	ATCTATCTAA TATGATTAAA TCATGCCTCA CTTAAAATAG ACCGCTAAAA GTTGATCTAT	4980
	TACAAATGAT CTAAAATATC AATGACATCT TTGGTAACGT CGCTAATATC TTTTGAACCA	5040
30	TCAATATTTT TCAATACACC TTTTGTGATCA TAGAAATCTA AAATAGGCTT AGATTGTTTA	5100
	ATATTAACAC TCAAACGATT AGCTACCGTT TCAGGATTAT CATCTTCTCG TTGATACAAT	5160
35	TTACCACCAT CGATATCACA AATACCTTCG ACTTCGGAGG ATTAAATACA AGATGATACG	5220
	TTGTACCACA TGA <del>CT</del> CACAG ATTCGACGAC CTGTAAGACG GTTCATTAAT TCTTCTTCCG	5280
	GAAC <del>T</del> TCGAT ATTGATGACA GCATCAATGT TTCTGTCAAG CTCAGACATA ATATTATTTA	5340
40	ATGCCTCAGC TTGCTCGATT GTTCTTGGGA AGCCATCTAA TAAAAGCCT TTTTTTGCAT	5400
	CGTCTTCAGA AATTCTTTCC TTAACGATAC CTACAGTCAC TTCATCAGGA ACTAATTCGC	5460
	CACGGTCCAT ATAAGACTTA GCTTCTTTAC CTAATTCAGT TTCTTCTTTT ATAGCTTTTC	5520
45	TGAACATGTC ACCAGTTGAA ATGTGGGGTA TTGGGAATTT CTG <del>a</del> CAATT TCACTTGCTT	5580
	GAGTTCCTTT ACCTGCGCCA GGTAACCCA TCAAAATGAT ATTCATAAGT GCCCTCCTAA	5640
	AATTATCTAC CACCAAAGCC TTTATATTCT TTTTGAGATA CTTGAGCTTC TAAAGATTTT	5700
50	ATTGTTTCAA TCGCTACACC AATAACGATA AGTAAACTTG TACCACCAAT CTGAATTGAT	5760
	TGTGGTAATC CCATAAACTT AGTTGCTAAT ATCGGTAGAA TTGAAATAAC GGCTAAGAAG	5820
55		

	CCAGGTCTAA TACCTGGAAC ATAGCTACCT TGTTCCTTAA GGTTATCAGC CATTTTTTCC	5940
	GGATTAACCT GTACAAATGC ATAGAAGTAT GTGAATAGTA TAATTAGTAC AATATATACA	6000
5	ACCATACCAA CATTACTTGA AGGATTTGCA GCATTCGCAA TGTTTTGTGC CCATTCTTTA	6060
	TCTGGATAGA ACAACGTTAA TGTTCCTAGGC AGTAAGAAGA ACGCCATTGC AAAGATTACA	6120
	GGAATAACAC CGGCTGAGTT CACTTTTAAA GGTAGATAAG TTGCCTGTGA ACCTAATCTT	6180
10	TGAGCAGTTT GTTTCCTTAGC ATATTGAATC GGAATTTTAC GAACGGCTTC AAGTACATAA	6240
	ATAGCACCTA CAGTTAATAG TATCAGTGAC ACTAAAAGTC CTAATACTTT CAACCATGCT	6300
15	AATGATGTAT CTTCTTGCCC AACGAACGCA TTTGTcCAA TTGAATTAGA CTGGCTGGCA	6360
	ACGTTGATAA AATACCCGCA AATATGATAA TAGAAATACC ATTACCAACA CCGAACTGAG	6420
	TGATTTGATC ACCAAGCCAT ATTAAGAAAG CAGTTCCTGC TGTnCAAAAC TAGTGCTATT	6480
20	AATAAATAAC TCATAATTGA CTGATTGATA ATCAGCGCAC CTTTGAGATA ATTATTAAAT	6540
	TGGAATGCCA TACCTATAGA TTGGATAAAT GCTAAAGAAA TTGCTAAATA ACGAGTAACG	6600
	TTATTTAACT TTCTTCTACC TACTTCACCT TGTTTTGCCC ATTCTGAGAA TTTAGGGACA	6660
25	ATATCCATTT GTAATAATTG CATTACGATT GATGCAGTGA TGTAGGGTAC AATACCCATT	6720
	GCAAAAATAG AAAATCGTTT cAAGGCTCCG CCACCAAAG TATTTAATAA CTCAGTGGCA	6780
	CCTTGAGAAC CTTGGGGATT ATCAAAAGCT GCAGGATTTA CTCCTGGAGC TGGTATATAA	6840
30	GTCCCTATTT TAAAAATTAC TAACATTGCT AGTGTGAAGA AAATCTTGTT ACGAACCTCT	6900
	TTTGTCTTAA AGAAGTTCAC AAGGGTTTGA ATCATTAGAT CACCTCGTGT GcTCCACCTT	6960
35	TAGCATCAAT AGCTTCTGCT GCTGAAGCTG AGAATTTATG AGCTTTCACT GTCAATTTCT	7020
	TATCAAGTGA ACCATTACCT AGTATTTTGA TACCAGATTT TTCATTCTTA ACAACACCAG	7080
	ATTCTACTAA TAAAGCTGGA GTTACTTCAG TACCATCTTC AAATTTATTA AGTTGGTCTA	7140
40	AGTTAACAAT AGCATATTCT TTACGATTTA TGTTAGTAAA ACCACGTTTT GTTAAACGAC	7200
	GGAATAATGG TAATTGACCA CCTTCAAATC CTGGTCTTAC ACCACCGCCT GAACGAGCTT	7260
	TTTGACCTTT GTGTCCGCGA CCACTTGTTT TACCGTTACC TGTCGCAACA CCACGTCCAA	7320
45	CACGATTGCG TTCTTTACGT GAACCTTCTG CCGGTTTTAA CTCATGTAAT TTCATTTCGG	7380
	CACCTCCTTG ATTATTTTTT TTCTACTGTT ACTAAGTGCT TAACTTTGTT GATTTGCCCA	7440
	CGAATAGCAG GGTTATCTTC AACAACTACT GAACTGTTAG TCTTTTTAAG ACCTAAAGCT	7500
50	TCAACAGTTT TACGTTGTGT TTCAGGACGA CCAATAACAC TACGAGTGAG GGTAATTTGT	7560
	AATTTAGCCA TAACTAGTTT TCCCTCCTTA ATTGTATAAT TCTTCTACTG TTTTGCCACG	7620
55		



	CATGTTGATT	GGTGTGTTTG	ATCCTAATGA	TTTACTTAAG	ATATCAGTGA	TACCTGCTAA	7740
	TTCAAGTACG	GCACGAACAG	GACCACCAGC	GATAACTCCT	GTACCAGGTG	CAGCCGGTTT	7800
5	CATAAATACG	CTTCCTGAAC	CGTAACGGCC	AGTAATTGTG	TGTGGAGTTG	TACCTTCAAC	7860
	ACGTGGAACA	ACTACTAAAT	CTTTTTTAGC	TGCTTCAACA	GCTTTTTTGA	TTGCTTCTGG	7920
	TACCTCTTGA	GCTTTACCAG	TACCGAAACC	TACACGACCA	TTTTTGTCTC	CAACTACAAC	7980
10	TAATGCAGTG	AAACGGAAAC	GACGACCACC	TTTTACAAC	TTTGCTACAC	GGTTGATTGT	8040
	AACAACGCGT	TCTTCAAATT	CTTTCGTCTC	TTCTTCTCTA	CGAGCCATGT	ATTTGTCCCT	8100
	CCTTTAAATT	AAAATTCTAA	TCCGCTTTCT	CTTGCTGCTT	CAGCTAATGC	TTTAAACAGT	8160
15	CCGTGATATA	AATATCCTCC	ACGGTCAAAT	ACGATTTCCT	TAATGCCTTT	GTCAGCAGCT	8220
	TTTTTAGCAA	TTGCTTCACC	GACTTTAGTT	GCTAATTCAA	CTTTAGTTGC	TGTAGTAGCA	8280
20	ATGTCGCTGT	CTTTTGAAGA	AGCTTGAGCT	AATGTTACGC	CTTTATTATC	ATCAATAATT	8340
	TGAGCGTAGA	TATGCTTGTT	TGAACGATAT	ACGTTTAAAC	GTGGCTTTTC	AGCTGTACCT	8400
	GATAAGTTAG	TACGAACACG	AGCATGTCTT	TTTAAACGCA	CTTTATTTTT	ATCAATTTTA	8460
25	CTGATCATT	CAATACTCCT	TTCTTTAGAG	TTTATCTATT	ATTTACCAGT	TTTACCTTCT	8520
	TTACGGCGAA	CGTATTCACC	TTGGTAACGA	ATACCTTTAC	CTTTGTAAGG	CTCTGGAGGT	8580
	CTTACTGAAC	GGATGTTAGA	TGCTAATGCT	CCAACTTGTT	CTTTTGAAAT	ACCTTCAACT	8640
30	TTAACGACTG	TGTTTTTCTC	AACTGAGAAA	GTAATGTTTT	CTTCAGCTTT	AATTTCTACT	8700
	GGGTGAGAAT	AACCAACGTT	AAGGATTAAG	TCTTTACCTT	GCATTTGAGC	ACGGTAACCT	8760
	ACACCAACAA	GTTCAAGTAC	TTTTACGTAT	CCTTGAGAAA	CACCTTGAC	CATATTGTTT	8820
35	AATAAAGCAC	GAGTTGTACC	ATGGTTTGTT	CTATCTTCTT	TAGAATCAGA	TGGTCTTACA	8880
	ACTTCAATTG	TGTTTTCTTC	TTGTTTGAAT	GTCATTCTTT	CATTTAAAGT	TCTTGATAAT	8940
40	TCACCTTTAG	GACCTTTAAC	AGTTACATGA	TTTCCATCAA	AAGTTACTGT	TACGTCACTA	9000
	GGGATGTCAA	TAATTTTCTT	ACCAACACGA	CTCATGTTAT	GGCACCTCCT	TATTTTTTAT	9060
	TACCAAACGT	ATGCGATAAT	TTCTCCACCA	ACATTACGTT	TTCTTGCTTC	TTTGTCACTG	9120
45	ATTACACCTT	CAGAAGTTGA	TACTAATGCA	ATACCTAAAC	CATTTAATAC	TTTAGGCATT	9180
	TCGCTAGCTT	TTGCATAAAC	ACGTAAACCT	GGTTTTGAAA	TACGTTTTTA	TCCTGTGATA	9240
	ACACGCTCAT	CGTTTTGACC	ATATTTTAAG	AATAAACGAA	GTACACCTTG	TTTATCATCT	9300
50	TCTACGTATT	CAACATTTTT	AATGAAACCT	TCACTCTTTA	AGATTTTCAGC	AATTTCTTTT	9360
	TTAATATTTG	ATGCAGGTAA	TTCTAACTTC	TCGTGACGCA	CCATGTTTGC	GTTTCTTACA	9420

55



	TCTTTTTTAT TACCAGCTAG CTTTACGAAC GCCAGGGATT TGGCCTTTGT AAGCTAATTC	9540
	ACGGAAACAA ATACGGCATA ATTTAAATTT ACGATATACA GAATGTGGAC GGCCACAACG	9600
5	TTCACAACGA GTGTATTCAC GAACTGCATA TTTTGTGTTT TTTTGTGCT TAGCAACCAT	9660
	TGAAGTTTTA GCCACTTAAT TAGCCTCCTT TAAATAATTA TTTACGGAAT GGCATACCGA	9720
	AGTTAGCTAA CAATTCACGA GCTTCTTCAT CAGTGTTAGC AGTCGTTACG ATAACAATAT	9780
10	CCATTCCTCT AACTTTACTT ACTTTATCAT AGTCGATTTT TGGGAAAATT AATTGTTCTT	9840
	TAACACCTAA AGTGTAGTTA CCGCGTCCGT CAAATGCTTT TTTAGAAACA CCTTGGAAGT	9900
	CACGTACACG TGGTaATGAT ACTGAAATTA ATTTGTCTAA GAATTCATAC ATTCTTTCAC	9960
15	CGCGAAGTGT TACTTTCGCA CCGATTGGCA TACCTTCACG TAAACGGAAA GTCGCGATTG	10020
	aTTTTTTAGC TTTAGTTACT AATGGtTTTT GACCAGTGAT CAATTCTAAT TCTTCAACAG	10080
20	CATTGTCTAA TACTTTAGAA TTTTGTACTG CGTCACCTAC ACCCATGTTC ACAACGATTT	10140
	TATCTATTTT TGGTACTTCC ATTACTGAAC TATAATTGAA TTTTTCATT AAGTTTTCAG	10200
	TAACTTCAGT GTTaAACTTT TCtTTTaAAC GGTTCaAAGT GGGATCCTCC TTTCaACTTG	10250
25	TtATTAATTA TTAGAkTTAA TTTCTTCGCC AGATTTTTTA GCGATACGAA CTTTTTTACC	10320
	ATCAACAAAT TTGTAACCTA CACGAGTTGG TTCGTTTGTT TTAGGGTCCA ATAATTGTAC	10380
	ATTAGAAACA TGGATTGCTG CCTCTGTTTC TAAGATTCCA CCTTCAGGAT TTAATTGAGT	10440
30	TGGTTTTTGG TGTTTTTTCA TAATGTTAAC ACCTTCCACA ACGACACGGT CTTTTTTAGG	10500
	TAGAGTAGCA ATTACTTTAC CTTCTTTACC TTTGTCTTTA CCTGCGATAA CTTTAACGTT	10560
	GTCACCTTTT TTGATATGCA TGTGGGCACC TCCTTATTTG TATTGGTTGT TATTAATTAA	10620
35	AGTACTTCTG GTGCTAATGA TACGATTTTC ATGAAGTTAC CTTCACGTAA TTCACGAGCA	10680
	ACAGGTCGGA AGATACGAGT ACCACGTGGG CCTTTGTCAT CACGGATGAT AACACATGCA	10740
40	TTTTCATCAA ATTTGATGTA TGAACCGTCA TTACGACGAA CACCTGACTT AGTACGTACG	10800
	ATTACAGCTT TGACAACGTC ACCTTTTTTA ACAACGCCAC CTGGTGTTGC ATTTTTAACA	10860
	GTACATACGA TAACATCGCC GATGTTTGCT GTTTTACGAC CAGATCCACC TAATACTTTG	10920
45	ATTGTAAGAA CTTACGAGC ACCAGAGTTG TCTGCTACTT TCAAGCGTGT TTCTTGTTGG	10980
	ATCATTAGTT AAACCTCCCT TATCTCTAAA CTTGTATTAA ATAATTACTG ACTCTTCAAC	11040
	AATCTCTACT AAACGAAAAC GTTTTGTTGC TGATAAAGGA CGAGTTTCTT GAATTTTAAC	11100
50	AATGTCTCCT AATTAGCTG AATTGTTTTT ATCATGAGTT TTGTATTTTT TAGAGTATTT	11160
	TACTCGTTTA CCGTATAATT TGTGTGTTTT GTAAGTTTCA ACAAGTACTG TAATAGTCTT	11220
55		

	TTTTGTAACC TCCTCTTACT TAATTATTGA TTAGCCTTAC TTTGTTCAAT TTCTCTTTCA	11340
	CGAGCAACAG TTTTtagacg TGCAATCGTT TTTCTTACTG TACGAATACG TGCAGTTTCT	11400
5	TCTAATTGAC CTGTAGCTAA CTGAAAGCGT AGGTTAAAAA GCTCTTCTTT TGAAGATTG	11460
	ATTTGTTCTT CGATTTCTGA AGTGGTTAAG TCTCTAATTT CCTTAGCTTT CATTTGTTTC	11520
	ACCACCCAAT TCCTCACGTT TTACAACTT AGTTTTTACT GGAAGTTTGT GACTTGCTAA	11580
10	ACGTAGTGcT TCACGCGCAA CTTCTTCAGA AACGCCAGCA ACTTCGAATA AAATTCTACC	11640
	TGGTTTAACA ACTGCGATCC AGCCTTCAAC CGCACCTTTA CCAGCACCCA TACGTACTTC	11700
	TAAAGGTTTT TTAGTATATG GTGTATGTGG GAAGATTTTA ATCCAACTT TCCCGCCACG	11760
15	TTTCATGTAA CGTGTCATTG CTATACGAGC AGATTCGATT TGACGAGATG TGATCCAAGA	11820
	CGTTGTTGTA GCTTGTAAC CAAACTCACC AAATGTTACG TAeTACCGCC TTTAGAACGA	11880
20	CCAGTTGTTT TAGGACGATG TTGACGACGA TATTTTACAC GTTTTGGTAG TAACATTATT	11940
	ATTTTCCTCC TCCACTAGTG TTCTTAGTAG GAAGAACTTC TCCACGATAA ATCCATACTT	12000
	TAACGCCTAA TTTACCGTAA GTAGTGTCAG CTTCAGCGTG tGCATAATCG ATGTCAGCAC	12060
25	GTAACGTATG AAGTGGAACA GTTCCTTCTG AATATTGTTC AGCACGAGCG ATGTCAGCTC	12120
	CGCCTAAACG ACCAGATACT TGaGTTTTGA TACCTTTAGC ACCAAGTTTC ATAGCTCTAG	12180
	TGATTGCTTG TTTTGTACA CGACGGAATG AAGCACGGTT TTCTAATTGA CGTGCGATGT	12240
30	TTTCAGCTAC TAAACGAGCG TCAAGATCAA CTTTTTTGAT TTCAATTACG TTGATGTGTA	12300
	CTTTTTTATC AGTTAACGCA TTTAATTTGT TGCGTAATTT TTCGATTTCT GAACCGCCTT	12360
	TACCAATTAC CATACCAGGT TTACCAGTAT GAATTGCAAT GTTGATACGG TTTGCAGCAC	12420
35	GTTCAATCTC TACGTGAGAA ACTGATGCTT CTTTTAATTC ATTATCAATA AATTTACGGA	12480
	TTTTTAAATC TTCGTGTAAA AGTGAAGCGA AGTCTTTTTC AGCATACCAT TTAGCTTCCC	12540
40	AATCACGGAT AATACCAACA CGAAGTCCGA TTGGATTAAAT TTTTgACCC ACAGTATTCC	12600
	CTCCTTAAAA GTTAATTAAG CTTCTTTAGC TTCTTCTTTA CCGTCACTTA CGACGATTGT	12660
	AATGTGGCTT GTACGTTTGT TAATCGCACT TGCACGACCT TGCGCACGTG GACGGAAACG	12720
45	TTTTAATGTT GGTCCTTCGT TAGCATATGC TTCTTTAACT ACTAATTCAT CTGTGTTTAT	12780
	GTCATAGTTA TGTTcAGCAT TAGCTAAAGC GGACATTAAT ACTTTTTCAA TTA CTGGTGA	12840
	TGAAGCTTTG TTTGTTAATT TTA AAATTGC AATAGCTTCA GCAGCATTTT TACCTCTGAT	12900
50	TAAGTCAAGA ACTAGTCTTA CTTTACGAGG TGCGATTCTT ATTGTTCTAG CAACCGCTTT	12960
	TGCTTCCATT AGGATGTCCT CCTCTACTTA ATAGATATTA TCTTCTTGTT TTCTTGTCGT	13020

55

	TATCTTCAGT TACATATACA GGTACGTGTT TACGTCCGTC GTATACTGCA AAAGTATGTC	13140
	CGATGAAATT AGGGAAAATT GTAGAACGAC GTGACCATGT TTTGATTACT TGTTTCTTTT	13200
5	CGCTTCCTTC TTGAGCTTCA ACTTTTTTCA TTAAATGCTC ATCGACGAAA GGTCCTTTTT	13260
	TAATACTACG AGCCATTTGG GCGCCTCCCT TCTTATTATG TCGTGCAGC TTTAAGCCGC	13320
	ACACCCAAAT AAGTTGATTA TATTATTTTT TCTTACGTCC ACGAACGATA AGTTTGTCTG	13380
10	ATGATTTTTT ACCACGACGA GTTTTCTTAC CAAGCGTAGG TTTACCCCAT GGTGACATTG	13440
	GAGATGGTCT ACCGATAGGA GCACGACCTT CACCACCACC GTGTGGGTGA TCGTTAGGGT	13500
15	TCATTACAGA ACCACGAACT GTTGGACGGA TACCTTTCCA TCTTGAACGT CCGGCTTTAC	13560
	CAACGTTAAC TAATTCGTGT TGTAGGTTAC CAACTTGACC GATTGTAGCA CGGCAAGTAG	13620
	ATAAGATCAT ACGAACTTCA CCAGATCTTA ATCTGATTAA TACGTATTTA CCTTCTTTAC	13680
20	CAAGTACTTG AGCACTTGCA CCAGCTGAAC GAGCGATTTG TCCACCTTTA CCAGGTTTAA	13740
	GCTCGATGTT GTGTACTACT GTACCAACTG GAATGTTTTG TAATGGTAAT GCGTTACCAA	13800
	CTTTGATGTC AGCTTCAGCA CCACTTTCAA CGATTTGACC TACTTCTAAT CCTTTAGGAG	13860
25	CAATGATATA TCGTTTTTCA CCGTCTGCAT ATACAACTAA AGCGATGTTT GCTGAGCGGT	13920
	TTGGATCATA TTGAATAGAA TCAACTTTTG CATTGATACC ATCTTTGTTA CGTTTGAAAT	13980
	CGATAACACG GTATTGACGT TTGTGTCCAC CACCATGGTG TCTTACAGTC AATTACCTT	14040
30	GGTTGTTACG TCCCGCTTTT TTCGGTAGCG GTTTTAATAA TGACTTTTCA GGTGTAGTTT	14100
	TCGTGATTTT TCGGAAATCT AACGAAGTCA TATTACGACG ACCATTTGTT ATTGGCTTAT	14160
	ACTTTTTAAT AGCCATTGTC GCTTACCTCC TTAATGGTAA TTGTTTTATT AGTTAAATAA	14220
35	GTCGATTGAT CCTTCTTTAA GAGTTACAAT CGCTTTTCTT CTTTTGTTTG TATAGCCTTG	14280
	GTAACGGCCC ATACGTTTTT TCTTAGGTTT GTAATTCATG ATATTAACAC TTGCAACTTT	14340
40	TACGTTGAAG ATTTCTTCAA CTGCCATTTT TACTTGTGTT TTGTTAACAC GAGTATCAAC	14400
	GTCGAAAGTG TATTTGTCTT CAGCCATTGC TTCAGAAGAT TTCTCAGTGA TTACGGGGCG	14460
	CTTAAGAATA TCTCTTGCTT CCATTATCCG AGCACCTCCT CAACTTTTTT AGCAGCAGCT	14520
45	TCAGTAATTA CTAAGCTGTC AGCATTAGTG ATATCTAAAA CATTTAAACC TTGAGCAGTT	14580
	GTCACCTGAA CGCCAGGGAT GTTGCGTGCT GATAATTCAA CATTTACATC TTCGTTTTCA	14640
	GTAAC TACTA ATACTTTTTT AGGTTGTTCT AATGTAGATA ATACATTTTT GAATCTTTA	14700
50	GTTTTTGGAG CTTCGAAGTT GAATGCGTCA ACTACAGTTA AGCCATTCTC TTGAGCTTTG	14760
	AAAGATAATG CTGAGCGTAA AGCTAAACGA CGCATTTTCT TAGGCATTTT GTATGCATAA	14820

55

CCTTGACGAG CACGACCTGT TCCTTTTTCG TTCCATGGTT TACGTCCGCC ACCGCTTACT 14940  
 GCTGAACGAT TCTTAACAGC ATGCGTACCT TGACGTAATG AAGCACGTTG TAAATTAATA 15000  
 5 GCTTCGAATA AAACGCTATT ATTTGGCTCA ATACCGAATA CTGCATCGCT TAATTCGATT 15060  
 GAACCTGATT TAGTTCCGTC TAATTTTAAA ACATCATAAT TAGCCATTAT GCATTTCCCTC 15120  
 CTTTCACTTC TTATTATTTA TTACCTTTTT TAATTGAAGT TCTGATTTCT ACTAAACCTT 15180  
 10 TTTTAGGTCC AGGTACGTTA CCTTTTACTA AGATAACTTT GTTTTCTGTG TCAACTTGAA 15240  
 CTACTTCTAA GTTTTGAACA GTTACAGTGT TTCCACCCAT ACGTCCTGGC ATTTTTTGGC 15300  
 CTTTAAATAC TCTAGAAGCA TCTGAAGCCA TACCTACAGA ACCTGGTGCT CTGTGGAAAT 15360  
 15 GAGAACCGTG TGACATAGGT CCACGAGATT GTCCGTGGCG TTTAATTGCA CCTTGGAAC 15420  
 CTTTACCTTT TGATACGCCT GTTACGTCAA TAACGTCCGCC AGCTACAAAA GTATCTACTG 15480  
 20 AGACTTCTTG AaCCTAcTcG TAAGCATCCA CGTCTACATT GCGGAATTCA CGAATGAAGC 15540  
 GCTTAGGTGC TGCCTCAGCT TTTTAGCGT GACCTTCAGC TGGTTTATTA GCATATTTAT 15600  
 TAGATTTTGC ATCTTTTTTG TATGCTTTTT TGTCTTCAA TCCAACCTGG ATTGCGTTGT 15660  
 25 ATCCATCAAC TTCTACAGTT TTCTTTTGTA ATACAACATT TTCTTTAGCT TCTACTACTG 15720  
 TTACAGGGAT TAATTCACCG TTTTCTCCGA ATACTTGTGT CATCCCAATT TTTCTTCCTA 15780  
 AGATTCTTTT GGTCATCGAA AGTCCACCTC CTAAAATTGT CTATTATAAT TTGATTTTGA 15840  
 30 TGTCTACACC AGATGGTAAG TTTAAGCCCA TTAAAGCGTC AACTGTTTTT GGTGTTGGGT 15900  
 TTACAATATC GATTAAACGT TTGTGTGTAC GTTGTTTCGAA TTGTTACAGT GAATCTTTAT 15960  
 ACTTATGCAC GGCACGGATG ATTGTGTAAA CTGATTTCTC AGTTGGTAAC GGAATTGGTC 16020  
 35 CAGAAACATC TGCACCAGAA CGTTTCGCTG TTTCTACAAT CTTCTCTGCT GATTGATCAA 16080  
 TTACGCGGTG ATCATAAGCT TTTAATCTGA TTCTGATTTT TTGTTTTGCC ATAATTTTCC 16140  
 40 CTCCTTATTC GTCTACATT AGTGATAGAC TTCTCCACGA AACTATCTT ACACAGCGCC 16200  
 ATGGCAAAGC GGCCGGGTGT GTCAGTAACC TTTCGCTTCA TCGCTTTTCT TAAAGTCCAA 16260  
 CGTTAGTTAT ATTACACGAA AAACATCGAT AAATCAAGGC TTTTCACATA ATTTTCTAT 16320  
 45 CTGTCTAACA CATACTTTTA TATTTnACTT TATATACTTA GTCAGTTCAA CTATTTTCGA 16380  
 GATATTTTnA ATTTCCn 16397

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 206:

- 50 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 29555 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
- 55

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 206:

5	TnAGTTGTTT CTGCCACGAA AGATTCAATG GCTTTTCTTG CTTTACGCTT TTCTTTCAAT	60
	GGCAAATCAC CAATCATTTT TTTAAGGTGA TGTGGGTTTA CAACACCACT ATACTGGTAG	120
	TCATTTGAAn TTGTTTTTAG GGCTTGTTCA TCGATAGATC TCTCTCCAGC AAATCCTTTG	180
10	AACTCCGCTT CTTTTTTAAT ACTTTCGAAA TTAACATATT CTTGATCGAT ATCATCATCC	240
	TTATTTAAAG AAGGTACAAC ATTGTCGATG AATTCTCTAA TTAGATCTCG TTTTAACCTC	300
	AATGtCGGAT CATCTGCATG ATCTAAAATG CGTCTAATTT GTTCTTGGTT ACGACGTTGT	360
15	TCCGCTTTGT CTTCAAGATC AATTGTCTC AATATATTCA TAATATAATT CACATTAATC	420
	GTATCATTAC GCATCATTTT TATTTGAAA TCAATATCAT TTAATGGA TACTTTATTT	480
20	TTCTCAGCCG TCGCTCTTTT TACTTGATCG TACACAGCTA AATATTTACT TTTATAGTCT	540
	TCATTCTCTT GTTCATCCAT TCCAATTTCA TCAATTGTAA ACTCAAATC GTCAAATGCT	600
	TTTAAACGTA ATATTATTTT AGCTAATAAA CGATAAGCtT CAACAAAGCG CTTTAGCTCT	660
25	TCTTCATCtT GaATGtCATC AACCATGTGT GGTGTCGGCA CAATCATTTT AAGCTCACGA	720
	TAAGCGTCCA TAAATTCTTT TTTATACTCT TCATAACTGC GCATTAAAAT TGTATCCGTA	780
	TCATTTGTTT GTGAGAATAC TCTCAGTGCA TCGTCTGTCT CTTTTTTCAA GTCACGATAG	840
30	TTTACAATTT TACCAAATGG CTTTGATTCT TTTTCAACCC TATTTGTACG TGAATACGCT	900
	TGAATTAAAT CATGATACAT TAAATTCTTA TCAACATATA AAGTGTTTCA TACTTTACTA	960
35	TCAAAACCAG TTAAGAACAT ATTAACAACG ATTAAGATAT CAATTTTACT ATCTTTAACG	1020
	CCCTTTTTTAA CGTTTTTTtGA AATATGATTA AAATACTCAT TAGTTGtGGC TGnTGaAAAA	1080
	TTCTCTCTGA ACTTTTTATT ATAATCACTA ATCATTATCT CTAATTTTTT ACGTGAATGA	1140
40	TATGGCACTT CACCATCACG ATCATCTTCA TTAGGTTTAA ACGTAAATAT ACCAGCTATC	1200
	GTAAACGGTT GTTCCAACCT TTTGTTAAGT CGCTTAAATG TCTCATAATA TTTAATAAGC	1260
	GCGTGAATAC TTTGGACTGT AAATATACTT GAATATTGAC GATTACGTGT ATATTTATCA	1320
45	TGATTATTGA TGATATGTCG TGTTACTAAT TCCACACGTT TATCCGCTAA CCATACTTCT	1380
	TCCGTATCAA TTGCTTCAAC CATGctGTTA TCTTCTGCTT TTAAAGCTTT ATTTTTAAAA	1440
	GTATTAATAT AGTCAACTGA GAAACCAAGT ACATTACCAT CATGAATGGC ATCTCTAATT	1500
50	AAATACGTAT GTAAGCATCT ACCGAAAATA TCTGCAGTTG TTCTACCATC TTGACTACTA	1560
	TTTTCTGGAA AACGTGGCGT ACCAGTGAAT CCAAAGTATT GGGCATTTTT GAAATGTTGT	1620
55		



	ACTTTATTTCG	TTTTATACTG	TTCTAATAAA	GGGGCATTCC	CTTGAATCGC	TTTAGCCATT	1740
	TTTTGAATCG	TCGTTACAAT	AAGTGGCAAA	CTTTTATCAT	TTAGTTGGCG	TACCAGTTGC	1800
5	GAGGTATTAA	AAGTTTTGTC	TACAGCACCC	TTAGCAAATT	TATTAAATTC	CTCTTCTGTT	1860
	TGACTATCCA	AGTCTTTACG	GTCAACCAAA	AAGATAACTT	TCTTAATGTC	ATCTTGCTGT	1920
	GATAAAATCT	GACTCGCTTT	AAAAGAAGTC	AACGTCTTAC	CACTTCCAGT	TGTATGCCAT	1980
10	ACATATCCAT	TATTCCTGT	CTCAGTCGCT	TGTTGAATAA	GTGCTTCTAC	CGCATACACT	2040
	TGATACGGAC	GCATTGCCAT	CAGTATTCTA	TCTGTTTCAT	TAATAATCAT	ATAGCGCGAT	2100
	ATCATCTTAG	CTAATTGACA	AGGTCTCATA	AATGACTCAG	CAAACGATTG	CAATGTATTG	2160
15	ATACGGTTAT	TCTGTTTATC	ACTCCAATAA	AACATGTGAC	TCTTCAATAG	TTCGCTATCA	2220
	TTATTAGAAA	AGTATCGCGT	TTCAACACCA	TTACTAATGA	TAAACATTTG	TATGTAGCGG	2280
20	AATAAGCCTG	TGTAATTTTG	TTTGCGGTAA	CGTTTTACTT	GGTTAAACGC	CTCATTAATA	2340
	TCAATACCTC	GACGTTTCAA	TTCAACTTGG	ACAAGGGGTA	GTCCGTTGAT	TAATATCGTT	2400
	ACATCATAAC	GTGCTTTATA	TGTATCCTCG	ACAGATACTT	GATTCGTCAC	TTGAAACTTA	2460
25	TTTTTACACC	AACTTTTCGT	ATCTAAAAAC	GACAAATAAA	TCTCAGACTC	ATCATCACGT	2520
	CTAAGTGGTA	ATTTATCACG	TAAAATACGG	GCACTCTCGA	AAATACTTTT	TCCATCAATC	2580
	ATCGTTAACA	GACGTTGaAA	TTCTTTATCT	GTTAaGGGAT	TGCCTTCTAA	TTGTCCGCA	2640
30	TGACGCTCAT	TTAAAATCGT	TCTAAAATTA	TCAAGCAATT	GCTTATTATC	ACGTATCGTT	2700
	ACTCTTTCGT	AACCCAATTG	TTCAAGTTGA	TTCATCATTT	CATTTTCTAA	TGCGTATTCA	2760
	CTTTGGTATG	CCATTCATAT	CCCCTTCCAT	ACACTTTCTA	TTGCTCTAAA	TATATCATAA	2820
35	ACTTTAATGA	AAAATGTTTG	TTTTTTATCT	TCAAACGTAA	ATTTATTCTA	ATTTTATTGT	2880
	CTTAICTTTT	AATATTTGTC	TTTGAGGTAA	GTCGTATACT	AAAATTTGAA	TACAAATAAT	2940
40	CAAATCATTG	ATAAATTTTT	TGTCTACGAT	TAATGGAGGG	ACTTGAATGG	TGTTAATTAC	3000
	CTATCAAATC	ATTTTATTTT	TTATTATTAG	TCTAAGTTAC	TATTTAACTT	TAAATCATT	3060
	CATGGCAGTC	ACTGTAGGTA	ACTTCACTTC	AATATTCGGC	ATGTTTCGCAG	CCATACTCTT	3120
45	TATGTACTAC	TACCTACTCT	ATAAAAGTCC	CGAATACAAT	CAACGCAAAC	GATTTAAACA	3180
	TTTCATTTCAT	ATCACTAATT	TGATAATAAT	TGCTTTTAGC	ACCTTCGTAT	TAGTTCATTT	3240
	AGCATTAAAA	TTATTCTTCA	GCATTTAATT	TCCATCTATG	AAAAAAGCAA	AGCTCAAATC	3300
50	TGAACTTTGC	TTTAATTTGT	CACGCCTTTA	TCATTTTCAA	AATAGCCTCT	ATGCCAGTTT	3360
	TACAAACTTG	TAGCAACAAT	TTTTTCATCAA	GCAACTGAAT	CACATCAAAA	ACTTCAATTG	3420

55



	GTCGCAAGAT GCTTCCTGTA ATTATCAAGT GCCATTTTCG ATTGGGTTAT ACAATCTAGA	3540
	ATCGCATGAT AATTTAATGC TACAAATCGA TAGTACAATA TATCTACCGT GAATAACTGT	3600
5	GCAAATAGTG ACGTTGTAGC CGCCATACGC ATTTTCATTTT CATCAGTTCT GCCATAAATC	3660
	AATGCATAGT CTGCAATTTG AGCCACTGGA TTATTAGCTG TACTAGATAT AGTTATGATG	3720
	GGAATACTGT AATGTGTGGC CACCTGTGCA ATTGACTGCA ATTCACTATG ACTACCTTGA	3780
10	TTCGTCACAA AAATCATGCA ATCTCTATCA TCATGCGTCG CAAATGTTGA CACAAGTAAA	3840
	TGCGTTTCAT GTAATAACCT GACATTTAAG CCAATACGAG ATAACCTTTG AAAAAGATCA	3900
15	CCAATAGTCA AACTCGATGC GCCAAATCCA AATAAAAATA TTGTCCTGGC ATTTTTC AAC	3960
	ACATCACAAA TTGCATCAAT TTGCGCATCC ATAATATTAG TAGCTACAAA TCGCATCGTA	4020
	TTCGTTGCTC TAGCAATCAT TTTATTTTTC AAAGTTTCTA CAGATTCATT TTCAATCAAT	4080
20	TCTAAATGTG GATTGGTTGC AATATCTTCG GGTAAGTATC GAGATATCGC AATCTTTAGC	4140
	TCTTGAAAAC CTTGATGTGT CATTTTCCGA CTAAATCTAA CAATTGATGC TGTACTAACA	4200
	TTGTAACAT CTGCCAAATC ATTCACAGTC ATATCAATGA TTTTATGTGG ATTCTTTAAA	4260
25	ATGTAATCAG CGATTATCTT TTCTGTCTTC GTAAAATCAC TCAACTGCTT ATCAATGCCA	4320
	TATAAAATAT TTGTCATCAT TAATCACCCA ACAAATCTGT CTGTGCGATC GCCTTTGTCG	4380
	TTCCAAATAA ATATGTACAA ACGAATCCAC CAGCATACGC AGCAAGTAAT CCTGCAATAT	4440
30	AACCTAAATA CATATTATCT GAGATTAATG GTAATAGTGA CACACCACTT GGGCCTATTG	4500
	CTTTGGCACC AATATGTCCA ATTCCACCTA TTACAGCGCC ACCAATACCA CCACCAATAC	4560
35	AAGCAGTTAA GAAAGGTCGA CCTAATGGCA AAGTCACACC ATAGATTAAT GGTTCTCCGA	4620
	TACCTAGGAA ACCAACTGGC AATGCACCTT TTAAAGTATT ACGTAATGTT GTGTTGCGTT	4680
	TACATCTTAC CCAAAGTGCT AATGCGGCAC CTACTTGTC AGCACCAGCC ATCGCTGCAA	4740
40	TTGGCAATAA GTAAGTAGCA CCTGATTGGT TAATCATTTT TATATGAATT GGCGTAAAAA	4800
	TATGATGAAG CCCTAACATA ACTAACGGTA GGAAGCTTGC ACCAATGATA AATCCACTAA	4860
	ATACGCCACC AATACTAATA ATTCCGTTAA CTACTGAAAC TAAACTGTCT GAAACAAAAC	4920
45	CTGCTAATGG CATAAAGATA AAGATAGTTA ATAGTCCTAC AATCAACAAT GCAATAGTCG	4980
	GCGTTACAAT AATATCAATC GCATTTGGCA CAATTTTATG TAATCTCTTT TCGACAATAC	5040
	TTAAAATCCA AACGGCAAAA ATAACGCCAA TAATCCCACC TTGTCCAGGT TGCAATGGTT	5100
50	CTCCAGTGAA GACATTCATT AAAATATTTT TACCAGCAAT ACCCGTTAAT AACGTTGTAC	5160
	CACCAATCAC GCCACCAAGT CCTGGTGTG CACCAAATTC TTTAGCCGCA TTAATACCAG	5220
55		

	GCGTAATCCA AGCACCTGAA ATATAGCCTG CCACCATTAA GTTACTCAGT ACTGCTGCAA	5340
	TACCACCAAT TAATCCAGCT CCAATAAATG CAGGAATCAA CCGTATAAAG ATATTGGCAA	5400
5	TTGATTTCOA TACTTTATTC AACTTACCAT TCTTTTGTTT TGCTTTATGC GCTTCCTTAT	5460
	TCGCCTTTGC TTTATCAGCT GCATATGATT TATAGTCCAT TTTTTCACCTA TCATTGTGAT	5520
	GGTGTGGTAT TGGGTCACCT AGTTTAAACAC CACTTAATTC CGCCATATGA TTAGCCACTT	5580
10	TATTGatGTA CCAGGTCCAA CCACAACCTG AATGCGTTCA TCGTGTATAA CACCCATGAC	5640
	ACCATCAATA TGCCTTAGTT CTTGGTCATC TACTTTATTC TCATCTAATA CTTTAATACG	5700
	CACACGTGTC ATACAGTTCA TGACACTATC TATATTATCC ATACCACCTA CTGCAGCAAT	5760
15	AATTCGTTCT GCAAGTTGTT GTTCTTTGGT CATTTAATC CCTCCTAAGG TTGTCTATCT	5820
	CTGATTGCTC GTTTAAaATG TCACCATTGT TTAATAACCG TCTTGTTGCT TCTTCCTTAG	5880
20	AAATGCCACA CATACCCATA ACTGTCGCAA CTTTCACATC ATGCTCAGAT ACCTGATATA	5940
	ACGCCATTGC TTCATCATAT GTGATAGCAC ATATTTCTTG AATAATACGC ACTGAACGGT	6000
	CGATCAGTTT TTGATTGGTT GCTTTAACAT CAATCATGAG GTTATCGTAA ACTTTTCCGA	6060
25	CACCAACCAT TGTGATGGTT GAAATCATAT TTAAAATTAA CTTTGTGCT GTACCAGACT	6120
	TTAAACGTGT TGAACCAGTT AATACTTCTG GACCAACTTT AACTTCTACT GGATACTGCG	6180
	CAATTTCACT TATAACTGCA TGTTCAATTGC ATGAAATAGA TACTGTTGTA GCACCGATTG	6240
30	TGTTAGCAAA TGTTAAACCG CCTATAACAT ATGGCGTTTT GCCACTCGCG GCAATTCCTA	6300
	TAACGACATC TTTTGATGTT AAATCTATAT TTTTCAAATC TTCTTCCGCT AATTTTTTGT	6360
	GATCTTCCGC ACCTTCTACA GCCATCGTCA TAGCATGTTG TCCACCAGCA ATAATACCTA	6420
35	TAATTTCAATG AGGGTCAGTA TTGAATGTAG GTACACACTC CGCTGCATCT AAGACACCCA	6480
	ACCTTCCACT TGTACCTGCA CCGATATAAA TCAATCGTCC ACCCTTTTTA TACTGTGCAA	6540
40	TTGTTTTTTT AATTACTTTT GTCAATTGTG GTATTGCCTT TCGAACTGCT AACGGGACTT	6600
	GCTGATCTTC TTTATTCATC GTAATTAAAG CCTCTTCCAC AGTCATTTCA TCAAGATGCA	6660
	TCGTCGCTTC ATTACGCGCT TCGGTCGTAC TATTTTCCAT CACTTCTTAC ACTCCCTAGT	6720
45	TTTTTGAAAA TCAAATGTAT CATTCGGCTC GATACAACTT AACAGTGGTA AGTCTTCTTT	6780
	AATAATTTGT GCAaCAACAT TCACATTGTC ATGTGCACTA AGCGTTTGTC TCACAATTTG	6840
	CATTTGCGCT TGATAACGTC CGTTATTCAA ATTATCAACG GTTACTGAAC CAATGCGTCG	6900
50	TTGCGTCGTA AACTGTGGTT GAATCGAATG TGGACATATT TGTCTTGACG TTTCCGAACG	6960
	AATGACATTT TCCGGATTAT CCGGGCGTAC TTTATGACAC ATATCGAAAA GGTAAGTCAC	7020

55

	AAGTTGTTTT GCCTGCCTCA TTTCATCAA TGAGTCTCCA ACTAACAATT CAGATACACC	7140
	AGTTTCTTGT AATAATTTAG CTGCAACGAC AGGATGACTA TGTCTCGTTG CTTCAATTGT	7200
5	TGGCAAGCCT TTATGCAAAG GACCTCGCAA ATCACTCCCT ACAATAAAAC CATATATTTG	7260
	TGCCTTTGGA TTAAATTGAT AAATGAGTTC ATTTTCTTA TTGACCAAGT CAACAGATAA	7320
	TCCCGTATCT GGTCTTGGAT AATAGTTATG ACAAATGAA AGTAATGTAA AATCATTCAA	7380
10	TTGTTGATGT AAGCTTGTTA ACAATTCCCG GGAAATAATA CTTGCATTCA AACAGCACTT	7440
	TAAACCCTGT GCCATTATCG CTTGATTGC CTCAATTGAT GTACTATGAT CGATACGAAT	7500
	CATAAATTGT GCATCATATT GTCGAAGATG GTCATAAAAA GATGGTGTTA AAATAGATGG	7560
15	ATTAGCATCT ATGAGGTAAG TCACTTGTTT ATGTTTTAAT AAATTGAGTA GTTTTGTGAA	7620
	ATAATGATAT TTTGTCTCGT CATCTTCTTC TGGTATTTGT ACAGATGTAA AAATCATTTG	7680
20	GTAACCTTGT TTAATCATTC GCTTAATATA CGCTTCATCT AAAGGTTGTC CTAAATACAC	7740
	TGAAAAGCCT GTCAAAGTAG CCCTCCTTAA CAATATAATT ATTAGGAAAA TATAGTTGAT	7800
	TTGTGTAATC GCTTACATTT TACTATAAGA GAAACACAT TACAATATTA ATCAGTTAAA	7860
25	GCCTGTTTAT TGTAATAATC TTACATATTT CTGTCACAAG TTAATTATTA CACCATCAAA	7920
	GATTATCCTT TCTTTTAAGT GCTGATAATA GCTGCTACTG CTGGATTATT ACAATAACTT	7980
	TTATACATTT TATTCAGGAT TATCTTATAT TATGTTTTAA TAATAATCTG TGAACAATTA	8040
30	AGAGATTTGA AATTGAATTT AATAATTGTA TTGAAAACGC ATACTTCACC ATGCTAAAAT	8100
	AGGAGTCGCA AACAAATAAG ATTCAATAAG ATGTGATGGT TACCAACACA GTCTATTTGC	8160
35	TCGTGTCTTT TTTTATTGAA TCTTAAATAA TAAATACAAC TTTGGAGGTT GGACAAGTGA	8220
	GGAAGAAACT TTTCGGTCAA TTGCAACGTA TTGGTAAAGC GCTAATGTTA CCTGTTGCGA	8280
	TTTTACCAGC AGCTGGTCTG TTATTAGCTA TCGGTACAGC TATGCAAGGT GAATCATTAC	8340
40	AACACTACTT GCCGTTTATA CAAAATGGTG GCGTACAAAC TGTCGCTAAA TTAATGACAG	8400
	GTGCTGGTGG TATCATTTTT GATAACTTGC CTATGATTTT CGCATTAGGT GTCGCAATCG	8460
	GATTAGCTGG CGGTGATGGC GTAGcAGCTA TCGCAGCATT CGTCGGTTAC ATAATCATGA	8520
45	ACAAAACAAT GGGCGACTTT TTACAAGTTA CACCTAAGAA TATTGGTGAT CCAGCGAGTG	8580
	GTTACGCTAG CATTTTAGGT ATCCCAACAT TACAAACAGG TGTGTTCCGC GGTATTATAA	8640
	TCGGGGCCCT GGCAGCTTGG TGTATAACA AGTTCTATAA CATTAACTTA CCATCTTATT	8700
50	TAGGTTTCTT CGCTGGTAAG CGTTTCGTAC CTATTATGAT GGCTACAACA TCATTTATTT	8760
	TAGCATTCCT AATGGCATT AATTGGCCAA CGATTCAATC AGGATTAAAT GCATTCAGTA	8820

55

	TATTAATTCC ATTCGGTCTA CATCACATTT TCCACGCACC GTTCTGGTTC GAGTTTGGTT	8940
	CATGGAAAAA TGCAGCTGGT GAAATTATTC ACGGTGACCA ACGTATCTTT ATCGAACAAA	9000
5	TTCGTGAAGG CGCACATTTG ACAGCTGGTA AATTCATGCA AGGTGAATTC CCTGTTATGA	9060
	TGTTCCGGTTT ACCTGCAGCA GCTTTAGCAA TTTATCACAC AGCTAAACCT GAAAATAAGA	9120
	AAGTAGTAGC AGGTTTAATG GGTTCGCTG CTTTAACATC ATTCTTAACT GGTATTACAG	9180
10	AACCATTAGA ATTCTCATT CTTATTGTAG CACCATTATT ATTCTTTATT CACGCAGTAC	9240
	TTGATGGTTT ATCATTCTTA ACATTGTACT TATTAGATCT TCATCTAGGT TATACATTCT	9300
	CAGGTGGTTT CATCGACTAC TTCTTACTCG GTATACTACC TAATAAGACA CAATGGTGGT	9360
15	TAGTCATTCC TGTAGGTCTT GTATACGCAG TTATTTACTA CTTGCTATTC CGATTCTTAA	9420
	TTGTAAAATT AAAATACAAA ACACCAGGTC GTGAAGATAA ACAATCACAA GCGGCTACTG	9480
20	CTTCAGCAAC TGAATTACCA TATGCAGTAT TAGAAGCTAT GGGTGGCAAA GCAAACATTA	9540
	AACATTTAGA CGCTTGATC ACACGTCTAC GTGTTGAAGT TAACGACAAA TCTAAAGTTG	9600
	ATGTTCCCTGG TTTGAAAGAT TTAGGCGCAT CTGGTGTATT AGAAGTCGGC AATAATATGC	9660
25	AAGCAATTTT TGGTCCTAAA TCTGACCAAA TCAAACATGA AATGCAACAG ATTATGAATG	9720
	GTCAAGTAGT AGAAAATCCT ACTACTATGG AAGACGATAA AGACGAACT GTTGTTGTTG	9780
	CAGAAGATAA ATCTGCAACA AGCGAATTGA GCCATATCGT GCATGCACCA TTAAGTGGTG	9840
30	AAGTAACACC ATTATCAGAA GTGCCTGATC AAGTGTTTCA CGAAAAAATG ATGGGTGACG	9900
	GTATCGCTAT CAAACCTTCA CAAGGTGAAG TTCGTGCACC ATTCAACGGT AAAGTACAAA	9960
35	TGATTTTCCC AACAAAACAT GCAATTGGTC TTGTATCAGA TAGTGGTTTA GAACTATTAA	10020
	TCCACATCGG TTTAGACACT GTTAAATTAA ACGGAGAAGG CTTTACTTTA CATGTTGAGG	10080
	AAGGTCAAGA AGTTAAACAA GGTGATTTAT TAATCAACTT TGATTTAGAC TACATCCGCA	10140
40	ATCATGCAAA GAGTGATATT ACGCCTATTA TCGTGACACA AGGAAACATT ACAAACCTTG	10200
	ATTTTAAACA AGGTGAACAT GGCAACATTT CATTTGGCGA TCAATTATTT GAAGCTAAAT	10260
	AATGCTTACT ATAAACAGGT GCGTATACCT TCATAAGGTG ACGCGCCTGT TTTTCTTTG	10320
45	CTATTGTATT TTGCAGCATC ATTGATAGTT CGCTCTCCCC TTAAATTTTG AATTTTAAGA	10380
	TCATCAATTA AAGCCCCCT TCATACTCAT TTCCTAAAAA ATATTAATTG TTCACTATTG	10440
	TTAGCGTTTT CACAACAAAG TCAACTTCCT TGACCTTACA CTATATTCGA GGCTATCATT	10500
50	TTAAGTGTA ATATAGAGAA AAGGTGGCTT TTTTATGAA ACAACGCATT GGAGCTTACT	10560
	TAATTGACGC TATTCATCGA GCAGGCGTCG ATAAAATTTT TGGTGTTTCT GGTGATTTTA	10620
55		

ATGAATTAAA CGCAAGTTAC GCAGCGGACG GTTATGCCCC TCTTAATGGA CTCGCTGCAT 10740  
 TAGTTACTAC ATTTGGTGTT GGCGAATTAA GTGCCGTCAA CGGTATCGCA GGTTCATATG 10800  
 5 CTGAACGCAT ACCTGTCATT GCGATTACAG GTGCGCCGAC ACGTGCTGTT GAACAAGGCG 10860  
 GTAAATATGT ACATCACTCA CTTGGTGAAG GTACATTTGA CGACTATCGA AAAATGTTTG 10920  
 CACATATAAC CGTTGCACAA GGTTATATCA CACCTGAAAA TGCAACAACC GAAATACCAC 10980  
 10 GTTTAATTAA TACAGCAATC GCCGAAAGAC GCCCAGTTCA TTTACATTTA CCAATCGATG 11040  
 TCGCAATCTC TGAAATTGAG ATACCGACAC CATTTGAAGT GACGGCAACT AAATATACGG 11100  
 ATGCATCAAC ATATATAGAG TTATTAGCAA CTAAACTGCA TCAAGCGAAG CAGCCTATCA 11160  
 15 TCATTACTGG ACATGAAATT AACAGTTTTT ACCTCCATCA AGAATTAGAA GATTTTGTA 11220  
 ATCAAACACA GATACCAGTA GCACAACTTT CATTAGGAAA AGGTGCTTTT AATGAGGAAA 11280  
 20 ATCCATATTA TATGGGTATT TACGATGGGA AAATTGCCGA AGATAAAATA CGAGATTATG 11340  
 TGGACAACAG CGATTTAATT TTAAATATTG GAGCCAAATT AACAGATTCA GCAACAGCAG 11400  
 GTTTTTATA CCAATTCAAT ATCGATGATG TCGTTATGTT AAATCATCAC AATATCAAAA 11460  
 25 TTGACGATGT TACAAATGAT GAAATATCTC TACCATCATT GTTAAACAG TTATCCAATA 11520  
 TTTCATATAC GAATAACGCA ACGTTCCCTG CGTATCATCG TCCAACATCA CCCGATTATA 11580  
 CTGTTGGCAC AGAACCATTA ACACAACAAA CTTATTTTAA AATGATGCAA AATTTCTTAA 11640  
 30 AACCAAATGA TGTCATCATT GCTGATCAAG GTACATCATT CTTTGGTGCT TATGATTTAG 11700  
 CATTATACAA AAACAATACT TTTATAGGGC AACCGTTATG GGGTTCTATC GGCTATACAT 11760  
 TACCTGCAAC ATTAGGTTCA CAATTAGCAG ACAAAGATCG TCGTAACTTA TTATTAATTG 11820  
 35 GTGATGGCTC ATTGCAACTA ACTGTTCAAG CTATTTCAAC TATGATTAGA CAGCATATTA 11880  
 AACCGGTATT ATTTGTGATT AATAATGACG GCTATACGGT AGAACGACTT ATTCACGGCA 11940  
 40 TGTATGAACC TTATAATGAA ATTCACATGT GGGATTATAA AGCTTTACCA GCTGTATTTG 12000  
 GTGGTAAAAA TGTGAAATT CATGACGTTG AATCATCAAA AGATTTACAA GACACGTTTA 12060  
 ATGCAATTAA TGGTCATCCC GATGTGATGC ATTTTGTCGA AGTCAAAATG GCTGTCGAAG 12120  
 45 aCGCACCGAA GAAACTCATC GATAcCGCTA AAGCTTTTTT ACAACAAAAT AAATAATTTT 12180  
 ATCGTATACA GGGTATAAGT TTAAGCGAAT ACTTTATTAA ACGAATAGGA CTCTGATATA 12240  
 AGATGATTAA TTTTAATAAA ACCGCTTTAG TGTTAATCGA CCTGCAAGAA GGTATTCTTA 12300  
 50 AAATGGATTA TGCCCCATAT ACAGCTGAAA ATGTCGTTCA AAACGCTAAT AAATTAATAG 12360  
 ATGTTTTTAG AAAAAACAAT GGCTTTATCG CTTTTGTTTG CGTGAATTTT TATGATGGTA 12420

55



	AGTCGTTTCC ATCATTATT AGACAAGAGA GATGACGATT TTGTCATAGA CAAACGACAT	12540
	TTTAGTGCAT TTGTAGGAAC AGATTGGAC TTACAATTGC GACGTCGAGG AATTGATACG	12600
5	ATTGTTCTTG GTGGTGTGCG AACGCATATT GCGTAGATA CGACAGCGCG AGATGCCTAT	12660
	CAATTAACT ACAATCAGTT TTTTGTTACA GATATGATGA GTGCACAAAA CGAAACGCTA	12720
	CATCAATTC CAATAGATAA TGTATTCCCA TTGATGGGAC AAACAATAAC TACAAACGAC	12780
10	TTTCTAAATA TATTGAACTA AACATATACT TCCCCCTTC GATCATGTTG AGGGGGATCT	12840
	TTATTTTACA AAGTATTAAT ACGTCGGGT GTCTAACCTT CTATATTTAA CATATTCTAT	12900
	ATCTGTTAAA TCGTTCTTAA CTTACGCCCC TACTACATAA AAAACAGTAT TTATTCCGGA	12960
15	ATTTTCAAAA AATTTAGTAT TTATTGCAAA ATTATGTATC ACTTTATGTT TAATTTTGA	13020
	TATTATCTTA ATTAAGTAGA TTTTATAAG TTCTAAAAAG GAGAACAAAT ACATATATGA	13080
	AGAAGAACT AACATTTAAA GAAAACATGT TTATAGGTTT TATGTTATTT GGTTTATTCT	13140
20	TTGGTGCCGG CAATCTTATC TTCCAATAC ACTTGGGTCA AGCTGCTGGT TCTAACGTTT	13200
	TTATCGCTAA CTTAGGATTT TTAATTACAG CAATTGGCTT ACCATTTCTA GGTATCATTG	13260
25	CTATTGGCAT TTCAAAGACA TCTGGTTTAT TTGAAATTGC ATCGCGTGTT AATAAACAT	13320
	ATGCTTACAT TTTCACGATT GCCTTATATC TAGTTATCGG ACCATTTTTC GCCTTACCTA	13380
	GACTGGCAAC GACATCATTT GAAATTGCAT TTTCGCCATT TTTATCACCA AAGCAAATCA	13440
30	CTTTATATTT ATTTATTTT AGCTTCGTCT TCTTTGTGAT TGCATGGTTT TTTGCGAGAA	13500
	AGCCATCAAG AATTTTAGAA TATATCGGTA AATTTTAAA TCCGGTATTC TTAGTATTAT	13560
	TAGCAATTAT TTTATTATTT GCTTTTATCC ATCCATTAGG TGGCATATCT GATGCACCTA	13620
35	TTAGTAAACA ATATCAATCA CATGCCTTAT TTAACGGCTT TTTAGATGGA TACAATACCT	13680
	TAGATGCGCT AGCGTCATTG GCATTTGGTA TTATCATGTG TGCAACGATT AAAAAGTTAG	13740
	GTATCGAAAA TCCAAGTAT ATCGCTAAAG AAACAATTAA GTCTGGTACT ATCAGTATCA	13800
40	TTATGATGGG GATCATTTAT ACCCTACTAG CAATCATGGG TACATTAAGT ATTGGTCATT	13860
	TCAAACCTAG TGAAAATGGT GGTATTGCCT TAGCGCAAAT TACTCAATAC TACTTAGGTA	13920
45	ACTACGGTAT CGTCCTGTTG TCACTTATCG TTATGGTTGC TTGTTTAAAA ACAGCCATCG	13980
	GTTTGATTAC GGCATTTTCA GAAACATTCG AACACCTTTT CCCTAAAATG AATTACCTAG	14040
	CGATTGCAAC AGTTGTAAGC TTTATTTTCGT TCTTATTCGC GAATGTTGGT TTAACATAAG	14100
50	TTATTATGTA CTCAGTCCCA GTGTTAATGT TCTTATATCC ATTAGCAATT GCCTTGATTG	14160
	TACTAACATT ATTTAGTAGC AAATTCATC ATTCAAACT TATTTATCAA TGTACCATT	14220

55



GCACATCATT CTCACAAACT TTGATTAATT TCAGCCAAAA ATATTTACCA TTATCAGACA 14340  
 TTGGTATGGG CTGGGTTGTT CTCAGTTTGA TTGGTTTCAT TATCGGCTTC ATTATTTATA 14400  
 5 AAATTAAGCA TCGTAAAATT CCACAAGCAT AATACTATGC CACAGTCATA TGTAAACAT 14460  
 ATGCTTGTGG CATTTTTTTAT TCATACTACA TTAAACTGCA ATCGTATACA TACATATCAA 14520  
 TGATTATCCA CAAAAAATAT TAGTACTTTC ATTTTACAAA TCACATTAAT ACAAACACAA 14580  
 10 CCTTATCTTT ATATTATTAA ATTTATATTT GACACTTATA TTGAACAACT GTAATATATT 14640  
 AATATTAATT CTTTAAAATG TATAAATATA AAGGAGGGAG ACCGATGaAT TCAATCATTG 14700  
 aATTAAGTGA TTATTATAGC TCTAATAATT ATGCACCACT TAAGCTTGTC ATTTCTAAAG 14760  
 15 GTAAAGGTGT CAAAGTTTGG GATACTGATG GCAAACAATA TATAGATTGC ATTTCCGGGT 14820  
 TTTCACTTGC AAACCAAGGC CATTGTCATC CAACAATTGT TAAAGCGATG ACAGAACAAG 14880  
 CTTCAAAGTT GTCTATCATT TCACGTGTCC TTTATAGTGA CAATCTCGGG AAATGGGAAG 14940  
 20 AAAAAATTTG TCATCTTGCT AAGAAAGACA AAGTACTCCC CCTTAACTCT GGTACTGAAG 15000  
 CTGTTGAAGC AGCCATTAAA ATTGCTAGAA AATGGGGCTC TGAAGTTAAA GGCATTACTG 15060  
 25 ACGGACAAGT TGAAATCATC GCTATGAATA ACAATTTTCA CGGTCGTACA CTTGGCTCAT 15120  
 TATCACTATC TAACCACGAC GCATATAAAG CAGGATTTCA CCCCCTACTT CAAGGCACTA 15180  
 CAACAGTAGA TTTTGGAGAC ATTGAACAAT TAACACAAGC TATTTACCG AATACAGCAG 15240  
 30 CAATTATTTT GGAACCAATT CAAGGTGAAG GTGGCGTTAA TATACCACCG AAAGGATATA 15300  
 TTCAAGCTGT GCGTCAACTA TGTGATAAAC ATCAAATATT ATTGATTGCA GATGAAATTC 15360  
 AAGTTGGTCT TGGTAGAACT GGGAAATGGT TTGCTATGGa ATGGGAGCAA GTCGTTCCAG 15420  
 35 ACATTTATAT TTTAGGTAAG GCATTGGGTG GCGGCTTATA CCCTGTATCT GCTGTACTTG 15480  
 CAAATAATGA TGTCATGCGT GTTCTAACAC CAGGTACACA TGGTTCAACA TTTGGTGGTA 15540  
 ACCCTTTAGC CATTGCAATA TCGACGGCAG CGCTTGATGT ACTTAAAGAT GAACAACTGG 15600  
 40 TTGAACGATC AGAACGCTTA GGTTCATTTT TATTAAAAGC GTTGCTACAA CTTAAACATC 15660  
 CTAGTATTAA AGAAATTAGA GGTCGTGGTT TATTTATAGG CATAGAGCTT AACACAGATG 15720  
 45 CTGCACCTTT TGTGGATCAA CTGATTCAAC GTGGAATCTT ATGCAAAGAC ACGCATCGTA 15780  
 CTATCATTCG ATTGTCTCCA CCTCTAGTCA TTGATAAAGA GGAAATCCAT CAAATTGTTG 15840  
 CAGCTTTTCA AGACGTTTTT AAAAATTAAC AATTAATCAT TTATATATGA CATAGGAGGG 15900  
 50 ATTCATGATG ATTAAAGTAG GTATCGTTGG CGGTAgcGGT TATGGCGCAA TTGAATTAAT 15960  
 TCGATTGTTA CAAACACATC CTCATGTAAC GATTGCACAC ATCTACTCAC ATTCAAAAGT 16020

55

5 ACTTACAGTG GATAATAATG ACTGTGATGT AATTTTCTTT GCGACACCAG CACCCGTAAG 16140  
 TAAAACATGT ATCCCTCCCT TAGTAGAAAA AGGTATTCAT GTTATCGATT TATCTGGCGC 16200  
 ATTTAGAATT AAGAATCGTG AAATATATGA AGCATATTAC AAAGAAACTG CTGCAGCACA 16260  
 AGATGATTTG AATCATGCTA TTTACAGCAT TTCAGAATGG CAATCGTTTG ATAACAATGG 16320  
 10 AACGAAGCTC ATTTCTAATC CTGGCTGTTT CCCTACAGCA ACATTATTAG CATTACATCC 16380  
 ACTTATTAGC GAAAAAATAG TAGATTTGTC ATCTATTATT ATTGATGCTA AGACCGGCGT 16440  
 GTCAGGTGCT GGTCTTCAT TATCACAACG gTTcATTTTT CAGAAATGAA TGAAAATCTA 16500  
 15 AGCGCTTATG CAATCGGAAA CCATAAACAC AAACCGGAAA TCGAGCAATA TTTATCTATC 16560  
 ATTGCGGGTC AAGATGTATC AGTCATATTT ACACCACATC TCGTACCAAT GACACGAGGT 16620  
 ATTTTATCAA CAATATATGT CAAATTATCA TCTGAATATA CGACTGAATC ATTACATAAA 16680  
 20 TTAATGACCT CTTATTATGC TAATCAGCCA TTTGTCAGAA TTAGAGATAT TGGGACTTTT 16740  
 CCAACCACAA AAGAAGTACT CGGTAGTAAC TACTGCGATA TCGGCATCTA TGTAGATGAA 16800  
 ACAACGCAAA CAGCAATTTT AGTATCAGTG ATTGATAACC TTGTCAAAGG CGCAAGTGGG 16860  
 25 CAAGCCATTC AAAATTTAAA TATATTATAT GATTTTGAAG TGACGACTGG CCTAAATCAA 16920  
 TCACCAGTTT ATCCATAAGG GGTGTTAGAA TGAAACATCA AGAAACGACA TCACAACAAT 16980  
 ATAACTTTTC AATTATTAAA CATGGCGATA TCAGTACACC TCAAGGCTTC ACGGCTGGTG 17040  
 30 GTATGCACAT CGGTTTACGC GCTAACAAAA AAGACTTTGG GTGGATTTAC TCATCGTCTT 17100  
 TGGCAAGTGC AGCTGCCGTA TATACTTTAA ATCAGTTTAA AGCTGCACCA CTTATTGTCA 17160  
 CTGAAGACAC TTTACAAAAG TCTAAAGGAA AATTACAAGC ACTTGTTGTT AATTCAGCTA 17220  
 35 ATGCAAATTC TTGTACCGGT CAACAAGGCA TAGATGATGC ACGACAAACA CAAACATGGG 17280  
 TTGCTCAACA ACTTCAAATA CCATCTGAGC ATGTTGCTGT TGCTTCAACT GGGGTCATTG 17340  
 GTGAATATTT GCCTATGGAT AAAATTAAGA CTGGGACCGA ACATATTAAG GATGCTAATT 17400  
 40 TTGCAACGCC AGGTGCGTTT AACGAGGCAA TTTTAACAAC TGATACCTGT ACAAACATA 17460  
 TCGCTGTATC ACTAAAAATC GATGGTAAAA CCGTTACAAT TGGTGGTAGC ACCAAAGGTT 17520  
 45 CAGGTATGAT TCACCCAAAT ATGGCTACCA TGCTTGCTTT TATAACAACC GATGCATCGA 17580  
 TTGAATCGAA TACACTTCAT CAATTATTAA AATCTTCGAC TGACCATACA TTTAATATGA 17640  
 TTAAGTTTGA TGGCGATACA AGTACAAATG ACATGGTATT AGTCATGGCA AATCACCAAG 17700  
 50 TTGAACACCA AATACTTAGT CAAGACCATC CACAATGGGA AACATTTGTT GATGCATTCA 17760  
 ATTTTGTCTG TACATTTTAA GCTAAAGCTA TAGCCAGAGA TGGCGAAGGC GCAACAAAGT 17820

55

	CTATCGTAAG TTCAAATCTA GTAAAATCAG CTATTTTGG CGAAGATGCC AATTTTGGTC	17940
	GAATCATTAC AGCTATTGGC TACAGCGGAT GTGAAATTGA TCCTAACTGC ACATATGTTC	18000
5	AACTGAACCA AATACCTGTC GTTGATAAAG GTATGGCTGT ACTATTTGAT GAGCAAGCTA	18060
	TGTCGAATAC ATTAACATCAT GAAAATGTCA CAATTGACGT TCAGCTTGGT TTAGGTAACG	18120
	CTGCAGCGAC TGCATACGGT TGTGATTTAT CCTATGATTA TGTGCGTATC AACGCATCAT	18180
10	ATCGAACATA AGGTGGTGTG GGTAGATGA AATTTATTGT CATTAAAATT GGTGGCAGTA	18240
	CACTTAGTGA CATGCATCCA TCAATTATTA ACAACATTAA GCATTTACGA TCAAACAACA	18300
	TCTACCCCAT TATCGTTCAT GGCGGTGGCC CATTATTAA TGAAGCATT TCAAACCAGC	18360
15	AAATCGAGCC AACTTTTGT AATGGCCTAA GAGTGA CTGA TAAAGCAACC ATGACCATTA	18420
	CTAAACACAC GCTCATTGCA GACGTTAACA CTGCATTAGT AGCTCAATTT AACCAGCACC	18480
20	AATGTTCTGC AATAGGCTTA TGTGGTTTGG ATGCACAGCT GTTTGAAATT ACATCTTTTG	18540
	ATCAACAATA TGGATATGTC GGTGTTCCGA CCGCTTTAAA TAAGGATGCT TTACAGTATT	18600
	TATGTACTAA ATTTGTACCT ATCATCAATT CGATTGGTTT CAATAACCAT GATGGAGAAT	18660
25	TTTACAATAT TAATGCTGAC ACGCTTGCCCT ATTTTATTGC ATCATCATT AAAGCGCCTA	18720
	TTTATGTATT AAGTAATATT GCAGGTGTAC TCATCAATGA TGTGTTATA CCTCAATTGC	18780
	CATTAGTCGA TATTCATCAA TATATTGAAC ATGGTGATAT TTATGGAGGT ATGATCCCA	18840
30	AAGTGCTAGA TGCCAAAAAT GCGATTGAAA ATGGCTGTCC TAAAGTTATC ATTGCATCAG	18900
	GAAACAAGCC AAATATCATT GAATCTATTT ACAATAATGA TTTTGTGGC ACAACAATCC	18960
	TTAATTCATA ACTATGAAAT TAAGGCCTAA CAAGTTTGA CACGCGAGAT GATTCCAGTT	19020
35	CGATTATCCA TTGCGCTAAA ACATTTATTT ACCGTTTCATC TCGTTAACAA TTTTGAATAC	19080
	AGTACGATAC AATATGAGAT GTAAAAAACT AATAACCTTT TACAAATTTG TTTATCAAAA	19140
40	TATTTTAAGT TTTGCAAAGC TTTTATTGT GATTATTTT ACAAAATACT ATAATGAGGA	19200
	TAGTAAATAG AGAGGAGTCC TTAAGTTGAC GAAACGACAA ATGGGTATAT TCATTTATGC	19260
	TGGAATTATC GGTGGCTTGT TATCTGGAAT TGTAATAATTA GGTGGGAGG TCATGTTTCC	19320
45	ACCTCGCACA CCAGAACGTA ATGCAACGAA CCCACCTCAA GAGTTATTGC AACCAATTAGG	19380
	ATTTAGTAGT GAGTTTACGC ATCAAACATA TACATTTTCA AATATGGAAT TGCCTTGGGT	19440
	AAGCTTTATT GTCCACTTTA GTTTTCTAT CGTCATTGCA ATTATTTACT GCATATTAGT	19500
50	TAAAAAATAC GCTTACTTAG CAATGGGACA AGGTGCTGTT TTTGGTATTG CTATTTGGGT	19560
	ATTATTCCAC CTTATCATT TGCCAATCAT GCATACTGTA CCTGCTGTGT GGGATCAACC	19620

55

	AGTGCGACAA	CATTTTGTCT	ATCGCTATAA	ATTAAATTAA	TACACTGACT	AACATTAACG	19740
	TGAGTTTCAA	ATCATCGTTT	GAGTATGATG	ATTGATGCTC	ACGTTATTTT	ATTAAGTGAC	19800
5	ATGATATGAT	TCCAGCCAAC	TTACGTGAGC	ATTAAAGTCT	CAAATGCGTC	GTAACAAACT	19860
	ATTATTTTCG	GTAATTTCAA	TATTGCTCAG	TATATTTTAA	CCTTATCACT	TACTTTAATC	19920
	TCGTCATGAT	TTTGAATGAT	GCCATCGTGT	ATTCACCTTT	CATTTTTCCT	ATAAAAAAAC	19980
10	ATCTAACAGT	AAACATTTAG	GCAGTATAGT	TTAAAATCAC	TGCGCAATGA	TACTGTCAGA	20040
	CGTCATATTA	ACTACTCAAT	AACTGAAATA	CAGACACTTT	TTTATAACCC	CAGGGTGCCT	20100
	GTCCTAAGAA	ACATACCTGT	ACCATAAACT	GATCAAAAAT	AAATTGTTTG	AACTTCACTT	20160
15	CACGTGATTG	ATAAAAGTGT	GATTGTGTCA	TATCATAAAT	GTCCAATCCT	TTGATTAAAC	20220
	CTTCACCAAT	CAATTTTGTA	AAACTTTCTT	TTTGTGTCCA	TATTTGATAA	AAATCATTTA	20280
20	AACTACATAT	TTGATGTGCT	TCGTTTGTAG	AGAAACACGT	CACTAACGTA	CGCCAGTCTA	20340
	AACGTTGTGA	TATCTTTTCG	ATATCAATAC	CAACTGGTTC	TTTATCGACA	ACACACACGA	20400
	TATAAGGATA	ACTATATGAT	AAGCTCACAT	AGATGGGCTG	TCCATCACGA	TTGTGTTGAA	20460
25	CAATATCTGC	CTTACCTCGT	GGCGAAATGT	GATAATGCCA	TTCATGTGGT	AATAAACCTG	20520
	TGTCATGTTG	AATTCCATAT	TGCACTAAAA	TATCTCCCAA	TCTGTGCATG	AGTTTATCTT	20580
	GATTGTATCT	ATAGTTGACT	GTACGCGGTT	TTTTATATGA	CCAACGACTT	TGTGATATTA	20640
30	ATTCTTCAAT	ACTTTTCAAG	TTACTCTGTA	ATTGCATTAC	AAATACTGTC	ATAACTTTCC	20700
	CTACTTACTT	ATTGAATATT	GTTTTGATAT	ATTGTGCCCA	ATGATACAGC	CAATTGTTAG	20760
	TTATCGTTGG	CCATTTTTC	CTGATGTGAT	TCATTATTTT	TAATGTTAAT	GTTGTATCTA	20820
35	TCATTGCTAG	TTGTTGTTCA	CGGTCAACAC	TAGTTAATCC	AATCGTTTTC	TACATGTCTT	20880
	GTTTCTGTAA	AATTTTCAAT	AATGATTCAT	CGCTGACGAG	TTCAATTTCT	TTGCGCTTAA	20940
40	CGCATTTCTA	CAAAGATTTT	ACCGGCATTT	TATTAGGTGA	TAGCACATGG	TAAATGATTT	21000
	GTGGTGTGTT	GACCTGTGCT	AATGCGACAA	TTTGTCTTGC	AGTCGTATCC	ACAAAAGAAA	21060
	AATCTACAGG	CATTTTCAAG	ATGCTAACCC	CGATACAATC	CAGTTGTAAC	AAATCATTTA	21120
45	TTACCATTTA	AAAACGGTTA	GTCTTTATAT	TTCTCATATG	CCATCTTCCA	TTGTAAGGAT	21180
	TCGTCAAATT	ACCAACACGT	ACAATCCGAC	CATCTAAGCC	ATTATTTACA	GCTTCTAATA	21240
	CTTTTAATTC	ACTATAAAAT	TTGCTCCGTG	TATATGGTGA	TGTTAGTAGT	TGCCCTTTAT	21300
50	AGACATCCGC	TTSTGAAAAT	GTCACATCTT	CTGTGTCTAT	ATCAAAATAA	GTTCCACAC	21360
	TTATCGTAGA	CACATATATT	AACCTTGCAT	GATGTTGTTG	TGCCAAACGT	ATGACATCAA	21420

55

	CACCTGCATG AATAATCGTA TCCATGTTTT CTGGTAAAC AACATCATCC ATACACTCGA	21540
	AATCACCAAC AATGACTTCA ATGTTTGATA ACATTATTC AACCGTCTCT TCTGAAAAAT	21600
5	AATCATTTAA ATTCGTCATC AACTTATACC ATGCTATTC CTCATTATCA GCACGTATGA	21660
	AACAATAAAT GCGATGACTG TATCCTTGTA GTACTTCAAT CAGATAAGCA CCTAAAAAC	21720
	CTGTCGCGCC AGTCAATAGT GTATTTCTTA GAGGTGATG ACTTAGACTA TCCTCTAAAA	21780
10	TACCCAAGTT ATAACGAGAC ATAACAATCT TTTGTAATTC CGAAAGATTA TCCGGTAATG	21840
	CAACTAATGA TTGTTGATTT TGGTACATAT AATTAACAAT CTGTCGCACG GTTTTATATT	21900
	GGTATAATGT CTGCATTGAA ATATGATGGC CAAATCGTTT TAAATGCGAG ACAACTAACA	21960
15	TCGCCTCTAA TGAGTTACCA CCAAGTTCAA AGAAATCATC GTCAACACCG ACATCATTTT	22020
	GTTTCAATAC CTCTCCAAAT ACATCAACAA ATGTCTGCTC AATTTTATTA GAGGGTTCGC	22080
20	TATACACTTT ATTAGACTGT TGTATAGGTG ATGGATTGG CAAACGCGTA GTATCCACCT	22140
	TGTCATTCTG GGTTAATGGC ATACAATCGA TATGCGTTAT AGTCTTAGGA ATCATATACT	22200
	TAGGCAGCTG ATCATTTAAA TATTGCTTCA AATCCTGTTT CACTTGTTGC TCTCCGACAT	22260
25	AATAAGCATT CAATATATCA TGCATATCAA AGTGACTTAC TGTTACAACA CAATCAGATA	22320
	TACCACGAAT AGCTAATATT GCATTTTCAA TTTTATCAAG TTCAATACGG TACCCGTTAA	22380
	CTTTCACTTG TTTATCTATT CTTCCTAAAA ATTCAATTG ACCATCAGAT GTATAACGTG	22440
30	CTAAATCACC ACTATGATAC AACTTTCTTT TACCAAATGG ATTATTTTGC CATTTATCAG	22500
	CCATTAATTC TGGACGATTA ATATATCCTA TCGCTAACT ATCACCTGCA ATACACAAC	22560
	CGCCTGGCAT ACCAATACCG CATAACAAAC CATCTGACAT AATATACACT TGGATGTTAG	22620
35	ATAAGGGTTT GCCAATTGGA ATCGTCTCAG GTATCAAATC ACCACAATGA TGTGACCAAT	22680
	ACGATGTGAT GACTGTTGAC TCAGATGGTC CATAGGCATT GAAATACGTG CCACAATGCT	22740
40	TCTCAATATA TTAAACAAAG GATGCCGTAC TAGTTGCCCC GCCTGTAATC AACTTTTCAA	22800
	TATAAAAGTC TTCCATAACA CTACACATCT GTAACGGAAT CGACGCAACC GTCACACGAT	22860
	GCTTATTAAT GAGTTGTTGT AACTGTTCTG GATTAACACG TTCCTCTCTA TCTGGAATCA	22920
45	CAAGCGTATG ACCATTTAAC AAACAACAAT AAATCTCCAT AACTGATGCA TCAAAAACAA	22980
	TATTTGCATG TTGCAAAAAT ACTTCATTGT CGCCTAATTG CAATTCAGTT GACCATGCAT	23040
	GCACTAAATT CAACAAATTT CGTTGTCGTA TGGCAACCCC TTTAGGCATC CCGGTCGTAC	23100
50	CAGATGTGTA AATAGCATAC ATCTCATTAT CTAACATCGC TGTGTTTTCA AGTTGATTGC	23160
	CATGTAAATC ATCATATTGT TCATTTTCCT TTGATTCAAC AAAGCCTTTA GCATTTTCCA	23220

55



	TAGCATCCTC	CAAAATTGCA	CCTTGTCGTT	TATTCGGAAA	ATCAATATCG	ATAGGTATAT	23340
	AAGATGCACC	TACTTTAACT	GTCGCCAACA	TCGCCGCAAT	CATTTCAAAA	CTACGTTCTG	23400
5	TAAACAAGGC	AACCCGTTGA	CCATTGCCCA	CACCATTGTA	TAGGAGCATG	TGCGCAATGG	23460
	CATCCACATA	GTTGCGTAAT	GTTTCATACG	TCATTGTCAA	ATCATTCTATG	ACTAGCGCAA	23520
	CATGATTACC	TTGTCGTGAG	ACAACCTTCAT	TAAAGTAACT	TATGATAGAT	TTATTTCCCG	23580
10	GGACATTAAG	CATTGATCG	TTAACATGCG	TATTGACCCA	ATTTAGAAGT	TCCTCCGTGC	23640
	CGTTTGATAT	ATCACAAATT	TGTAGTGTAT	CTTGATGCTT	CAAAATATAA	TCAATCATAA	23700
	TCATACATTG	ATTACCCATG	TGACGAACTG	TTTCTGAGTG	ATATAAATCG	GTATTATACT	23760
15	CGATATTGAT	TGTATAGTCA	TCGCGATCTT	CTTCAATGAT	GAAAGATAAA	TCAAATTTTCG	23820
	CCGTCACCTGA	TTTGGGTTGA	ATGTGTGTTA	ATTTACTATG	CCCAAATGA	GCATGATTCTG	23880
	TTTCATTGTT	TTGTAGTACT	AACATGACAT	CAAATAATGG	ATTCGCTGAG	GCATCATGTG	23940
20	ATTGATCTAA	GTCATTTACT	AAACATTCGA	ATGGGTATTC	TTGATGCTCG	TATGCCTCCA	24000
	AACTCATTTT	CTTAACCTCT	TGTAAAAACT	GTGTCCACAT	TTTATCAGGT	GACGGTTGCC	24060
25	CTCTATATAC	CAACGTATTA	GCAAACATGC	CTAGCATTG	CTCCGTGCCT	TTATGCATAC	24120
	GCGCACTCAT	CACACTACCG	ACAACAACAT	CATCTTTTCG	AGCATATCTA	CTTAACAACG	24180
	TCATGACCAC	ACTCATAAAG	AACATAAAAT	CAGTAATTTG	ATGCTTTTCT	ACATACTTTT	24240
30	GAAGTAGCTG	TCTCATTTGT	TGATTCATTG	TAAATGACAT	CATTGCTCCA	TTGTCGTTT	24300
	TAATATTTGG	TCTAACATAG	TCTGTCGGTA	AGCTTAAAAT	AGGTACTTCA	TCTTTGAATT	24360
	GAGATAACCA	ATATTGTCTA	TGTTTCGTCA	TATCACGATG	CGACATCCAC	TCACTATAGT	24420
35	CTTTATATTG	CAATTTAAGT	GGTAACAATA	ATTTATGTTG	ATAAAGTGCG	TTAAGATCAT	24480
	TCATTAAATTG	TATATTACTC	ATACCGTCAT	TAATGATATG	ATGCGTATCT	ATAAAGAGGT	24540
	ATGCATGTAA	GGGACTTCTA	ATGTATCTCA	CTCTAATTTG	ACTTGGCTTT	TCCAAATTAA	24600
40	AAGGTGCTAC	AAATTGGCGC	ATGATTTCTT	GTTTCATCCGT	AAAATGCGTG	TTAACTTCTT	24660
	CAAAGTCAAC	TGCAACATCT	GCCACAATAC	GTTGTCGAAC	CTCATCATCT	ACAACAATAT	24720
45	ATTGTGTTTCG	TAAAATCTCA	TGTCGCGCTA	TCAAACGCTG	CACTGCTTGT	CGCAATTGAG	24780
	CTACATTAAG	TTCTGATGAT	AACCGCCATA	AAAAAGGTAC	GTTATACACC	GTATCTTTAT	24840
	GGTTTGATTT	CCATAATAAA	TACATACGCT	TTTGTGCAGA	GCTCAGCACA	TAATCATCTT	24900
50	TAACTATAGT	TTCTGGAATC	ACTTCATAGT	TTTGTCTCTG	AACCTTAGCA	ATCGCTTGTC	24960
	CTAGTTCAAA	TACAGTTGGC	TTTTGTAATA	AATCACCAAT	TTGTAATCGT	TTCCCAGTAG	25020



	AATTATCATG AATACCTACT TGATTCACAT GTAAAATATC TGCAAAAATT TGGCATAGCA	25140
	AGTGTTCCGT ATCTGTACTC GGTGCTACAT AGGCATCCGT ATCGACATAG TCCATGATAG	25200
5	GCAATGCCTT CTTATCTAAT TTCCCATTAA TAGTAATAGG AATTTGCTCA ATATGCATGA	25260
	AATTAACCTGG TATCATGTAC TCCGGTAAGG TCATACGTAA TTGTGATTTA ATCTTATTAT	25320
	GTGATAATGT ATGCATCGCT TCATAATAAG CAACGATATA CTGATCTTGA TCATGATTTT	25380
10	GAACAATAAC AACTGCTTTA TTAATACCTT GTATACGCTC GAGCGCATGC TCAACCTCTG	25440
	ACAACCTCAAT CCTAAACCCT CGAATCTTAA CTTGTTTGTC CTTTCGATAT AAATAATCTA	25500
	TGTTGCCATC GGGTAACAAA CGAACGATAT CACCACTTCT ATACATCAGC TGaTTTATAT	25560
15	TTGAATCTTT GATAAATTTA TCTGCTGTCA ATTCTGGCTG ATTTAAATAA CCTGCAGCTA	25620
	ACCCAAAGCC ACTTGATCAT AATTCTCCAG GAATACCAAC GCCACACCGA CGCTCGCCTT	25680
20	GCATGATATA AACATGAGTA CCCAGAATCG GTTTACCAAT AGGAATACGA TTTGGAAGTT	25740
	TGTTAGGTAT ATTATACGTC GTTGTAATG TTGTATTTTC AGTTGGTCCA TAACCATTA	25800
	TAATTTGAGG ATGCTTCGGT TTTTGATTAA GCAAATCCAC CCACTTAGCA TTCAATACTT	25860
25	CTCCACCAAT TAATAAATAC TTTAACGGTA CCAATACTTC TATTCGTTCA CTAGCAATCT	25920
	GATTAAATAA TGAGGAGGTT AACCACATAG TATTAACGTC ATTTTCATTG ATTAATTGTT	25980
	CTACCGCTAT TGGATTTAAT AATTGTTCTT TTTTAGCAAC AATCAGCTTT CCACCATTGA	26040
30	GCAATGCACC ATATATTTCA AATGTTGCAG CATCAAAGGC TATAGTTCCT GATAACAAAA	26100
	TCGTCGTCTC TTCATTTAAT GGTACATAAT GATTTTGATG GACCAAGCGA ACAATACCTC	26160
	GGTGCGGAAT TAGTGTCCTT TTAGGGTTAC CAGTTGTCCC CGACGTGTAA ATAACATAAG	26220
35	CATGATCTTC TAACGTGTTA CATTTAGAAA GATTATCAAT ATTTTCCAC GCTATCTTAT	26280
	TCAAATCAAT GTGATTAATA TTTTGTTTAC CATTTTCATA TAAAGCTTGG TACGTTATTA	26340
	CAACTTTAGG CGTTACATCT TTTAAATGT ACTCCTGACG ATCACTTGGA TAGTTCGGAT	26400
40	CAATTGGCAC GTAAGCCCCA CCAGCTTTCA ACACACCTAT CATCGCTATT ATCATCTCAA	26460
	TACTTTTTTC AGCTATGACA GCGACACGAT CATTAGGTTT AACACCATAC TGGTTTCTCA	26520
45	AACGGTGTGC TAAATCATTC GCGCGTGAT TCAATGTTTG ATATGTTATA AACACTCCGT	26580
	CAAATTGCAC AGCGACATGA TTCGGCGTTG CTTCAACTTG TTGCTCAAAT AAGGTAACAA	26640
	CTGTTTGCGC ATCATCTATC TCAGGCAAAC TTAAATTGAT ATCGTCATAT AATTGAATAT	26700
50	CACGTTCTGT CATCAAATTA AGTTCATCTA CAGTTGTTTG TTTATTTCCA TTTTCTTCAG	26760
	TAATTTGCAA ATAAATATTT CGAACTAAGT CACTCAGCGT CTCGATTGAG AGCAAATCAT	26820

55

	CTAAAGATGT ATGTGCATCA TGTATTTGAT GTACATCCTC AATAACATCA TTACAACAAG	26940
	ACATCATATG ATGATAACAA TGAAAAATAG TCTCTAGTGA AAGCGAAGAC TTCGCGCACT	27000
5	GTAATTGCGA CATATTTTGC AACACACATT TATTAAAATC TGTTGTAAAA CGTTGACATA	27060
	CATCTTTTGC ATCGATTGTT AACGTTAACG GCACAATATT TCCGTGTAAA TCATTTGGTA	27120
10	AATGTGATGG TACATGTATA CCTAATGTGA CATCATGTTG TTGACTCATT ATATGATTAG	27180
	CTAAATACAC ACTAACAGCC AACGATGCCA TATCTATTGA TGTCATATCA TCAATCAAAT	27240
	ACGTTTGATA TAAAGCTTGT TCAAATGGAT GCTTAATTGG AAAATAACTA TCAATATGGA	27300
15	TGTCAGAGTT ATTCTCTAAC CGAAAATAGT TTGAGTCTAA TGCTATATGC GATGCATCTT	27360
	GATTGTCTTT ATCATCATTT CTATTTATAT GTGCATGCTG TCGAGTATTG TTAATAACAG	27420
	TATTGCCACG ATATGCATTG CATAAATCAT CAAGAAaAAT ATCAATTTGA CTATCATCga	27480
20	AAATGGaCAC ATGAAAATCT aATAGTATAT ATGcAGCATC AGCGAACTGm AACAATTTAA	27540
	CTTTGAATAA AGGTGAATCA TTAAAATGGT AAGTACTTAA TTCTTGCTTA AAAAAAGCTT	27600
	CTAAATCATA GTTTGCGGAA GAAGATGGAA CTTGTTTTAT CTCAATAAAA GGCAGAAATT	27660
25	CATGAAGTAT CATTGTtAAA TTGTCATCGG TAGTAACATC AAAAAAATGT CTTATAGATG	27720
	CATGTTGTgC ACAATTGTcG ATAATGCATA CATCATTTTA GTAGCTTCAA CATTTTTAGC	27780
	GAGTTTAACC CAATACGCAT TACGGTGTGT CGTTGATTCT GTATTATTTT TGTATATACG	27840
30	AAAATATTCC TGTTGAAATC TCAAATTACC CATAATCATA AAAAGTCCTT CTTTCATATC	27900
	ATAATACTCA TTACTIONTCTG AAATTGCATG ATGATATGAT AACCGACGAA ATGTtAATTA	27960
35	ACTCGTTATG TAATGaTTAA TATaAAACAC CATTCGCAAC ATATGAGCGA TATATTCTAC	28020
	CCTAAAATAC ATCTTGtATC ATCGTTACAA TTGGTATATT TTTCAATGTA AATTACATAC	28080
	ATCTTCGATA AATAGCACAC TACAAATCGT TAATCACTTT CTGTTGTTCA CATCTCATTG	28140
40	CAAACtCAAT ATTGTTGTTA CAAAATATCC ATGAAGCAAG TTTATATTAA ACAACAACt	28200
	CGCATAAAAC AATTGTTATC CTTAAATTTT AACAAATTCT TAATAAATTT ATCTCTATTT	28260
	TAATTACGAC CAAATTAATA GGTtTTCCAT ATAAAAAGAT GCATAAAATA AATATTtAAA	28320
45	TAAATTCAAT TTGTATTcAC TTGTTtTTGT CCCCCAAATA CACCAGCAAC AAGCATGCTA	28380
	GCACCAATTG TTAAAACGAT AAACATATAC AGTCCCATTT GTAATGACGT TAAGAAAACA	28440
	CCCAACACAA TCCCTAACCT AGCTAGTGTT TCTGAAAAAT GAATACCTAA TGCATTAACT	28500
50	GCACTATATG TTCCTCTTTT AGCTTTAGGA ATAATTTTAA AGCGTTGTTC TGAAACTATA	28560
	GGCGAATAAA TAATTTcACC TACAGTCGCA ATTATCATAA AAACAACtAA TAAGCCAAAC	28620

55

	GCTTTTTTAA AATCTATTTT CAATACAACCT TTCGAGATTG AATACGTGAG TAAaATGACG	28740
	ACGACCGTAT TAATCATTAG CAAGATTGCT AACATCTTAG CACCTGTAAT ATCATATGAA	28800
5	CCTATACTTA TTGTTTCAAA CTGATCCTTT AGTCTAATAG CAATATATGA GGAGATTGAA	28860
	AATTCACCCA TCATGATGAT ACTGAACCCC GAAATCAATA ACATATAATT ACGGTCTTTC	28920
	AAAACATAATT TATAACTGCG AAATATATTC ATTATTTGTA ATTTTGTGATA ACGACTTGCA	28980
10	TGCCTCTTGT CATCACTTTG CTTTACTTGA TTTCGGTCTT GAGGTAACCA AATATATAAA	29040
	ATAAAGAGTA CAATTAAAAA TATACAAGCT GCTATTAAGA AAAGTAGTAA CATACTGTAG	29100
	CCATACATCA AGCCACCTAA CAATGCCCCA ATAGCTACCG ATAAGTTTGT CATCCAATAG	29160
15	CTAATCTTGT AAATATAATG TTCCACGTCT TCGGTAATTG CATCCATAAT TAATGTGTCC	29220
	ATAACTGGAA ATTGTAATCC CCAAACGATT GTAAATATGG CATATGCAAC ACAAAAACCA	29280
	ATAATTTGCC ACAATTGATG TGACCCAAAT ACGCCCATGA ACACAAGCAT TATCACCATC	29340
20	GTCGCTTGAT AAATAAGTAC TAGCAACTTT tTCGGAAATA TCTCAATAAG GTAACCAGAT	29400
	ATAATGGACA ATGGAAATTT nAGAACCACT AAACCAACAA GATATATACC GACAATTGAT	29460
	TGACTTAACA TATCTGTAA ATATAGTGCT ATAAACGGTA TAAATGCTGT CGTAATAATT	29520
25	AGCTGTAAAA nATTGCTAAT CAATCGTACT TTCAA	29555

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 207:

30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1539 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

35

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 207:

	AAAAAAAAAA AAAAAnGGTG AATCTTTAAT TAAACACTAA TATTGTAAAA GATGTTAAGT	60
40	AAACGCTTAA TGACACTTAT TTTTGTAAAA TAATAGTAAT ATCATTTTGT TAAATGAAAG	120
	AATAAAGCTA TAATmATTAT AGAATAACTA TTAAAGGAG ATTATAAACA TGCCAATTAT	180
	TACAGATGTT TACGCTCGCG AAGTCTTAGA CTCTCGTGGT AACCCAACTG TTGAAGTAGA	240
45	AGTATTAACT GAAAGTGGCG CATTTGGTCG TGCATTAGTA CCATCAGGTG CTTCAACTGG	300
	TGAACACGAA GCTGTTGAAT TACGTGATGG AGACAAATCA CGTTATTTAG GTAAAGGTGT	360
50	TACTAAAGCA GTTGAAAACG TTAATGAAAT CATCGCACCA GAAATTATTG AAGGTGAATT	420
	TTCACTATTA GATCAAGTAT CTATTGATAA AATGATGATC GCATTAGACG GACTCCAAA	480

55

AGCTGACTTA TTAGGTCAAC CACTTTACAA ATATTTAGGT GGATTTAATG GTAAGCAGTT 600  
 ACCAGTACCA ATGATGAACA TCGTTAATGG TGGTTCTCAC TCAGATGCTC CAATTGCATT 660  
 5 CCAAGAATTC ATGATTTTAC CTGTAGGTGC TACAACGTTT AAAGAATCAT TACGTTGGGG 720  
 TACTGAAATT TTCCACAAC TAAATCAAT TTTAAGCAAA CGTGGTTTAG AACTGCAGT 780  
 AGGTGACGAA GGTGGTTTCG CTCCTAAATT TGAAGGTACT GAAGATGCTG TTGAAACAAT 840  
 10 TATCCAAGCA ATCGAAGCAG CTGGTTACAA ACCAGGTGAA GAAGTATTCT TAGGATTGTA 900  
 CTGTGCATCA TCAGAATTCT ATGAAAATGG TGTATATGAC TACAGTAAGT TCGAAGGCGA 960  
 ACACGGTGCA AAACGTACAG CTGCAGAACA AGTTGACTAC TTAGAACAAT TAGTAGACAA 1020  
 15 ATATCCTATC ATTACAATTG AAGACGGTAT GGACGAAAAC GACTGGGATG GTTGGAACA 1080  
 ACTTACAGAA CGTATCGGTG ACCGTGTACA ATTAGTAGGT GACGATTTAT TCGTAACAAA 1140  
 CACTGAAATT TTAGCAAAAG GTATTGAAAA CGGAATTGGT AACTCAATCT TAATTAAAGT 1200  
 20 TAACCAAATC GGTACATTAA CTGAAACATT TGATGCAATC GAAATGGCTC AAAAAGCTGG 1260  
 TTACACAGCA GTAGTTTCTC ACCGTTCAAG aAACAGAAGA TACAACAATT GCTGATATTG 1320  
 CTGTTGCTAC AAACGCTGGT CAAATTAAAA CTGGTTCATT ATCACGTACT GACCgTATTG 1380  
 25 CTAAATACAA TCAATTATTA CGTATCGAgA TGAATTATTT GAAACTGCTA AATATGACGG 1440  
 TATCAAATCA TTCTATAACT TAGATAAATA ATTTTCTnTA TAATCAAATG CTGACATAAT 1500  
 30 TTTAGTTGAG GATTATTATG ACGGTATAAA TAAATAAAG 1539

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 208:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 35 (A) LENGTH: 846 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 208:

CAATTTCTAT CTATCAATGA TGTGCATACT TCCAnTTAAA TTAAtCGAAA TGaATCAAGG 60  
 TATATCATTC CTGCCTCTTT ATATAACaAC AAATAGTGAT TACAATATTT CGGTATTAA 120  
 45 CACGAAAATT TTACAAGCAC CTATTTTCATT TACATATATA TACAGCAAAA AAGAAAGCCC 180  
 AGAAATATTG GTGTTTATTA AATCATTTAA AAAGTATATT GCCAATGAAC AATTATAATA 240  
 AATTTCAAAT CTAAAAAACC AAGAATCCGA TTAATCATCA CATTCTTGGT TCAATTTTAT 300  
 50 TCATGAATTT TTTCAACATT AAACGTTAAG TTATTGTCTG AATTTAAATT AACTTTAATC 360

55

CGTTGTACAA AACGTTTTAA TGGTCTTGCA CCGTATTGAG GTTCATAAGC TTCTTGACCT 480  
 AGCCAAGCTT TAGCATCATC AGAAACTTCA ATTGAGATTG GTTGTTCTAA TAATCTTATA 540  
 5 TTTAATTGCG TTAAGATTTT ATCTACAATC ATACTCATGT CATCAATAGA TAATGGTTTA 600  
 AATAATACGA TATCATCCAT ACGATTCAAA ATTTCTGGTT TGAAATATGC ATTTAAACTT 660  
 GTCATAACAG CTTTTTCTGT TGATTCTGTA ATTTACCAG TCTCTTTTAC GTTTTCTAAT 720  
 10 AAAACTTGAG ATCCAATATT ACTTGTCATA ATAATAATAG TATTTTTTAA ATCAACGCTA 780  
 CGTCCTTTAG AATCAGTTAA ACGGCtTCAT CTAAAATTTG CAATAATACA TTAAAGACGT 840  
 CAGTAT 846

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 209:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1674 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 20 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 209:

ntGGGAACAG TAAGCCAGTA TTTTtagAAA GTTGCCATAC ATGAGCGTCG ATTTTCCAA 60  
 TATGGCTATG AACTAGAAC AATGGGAATT TGGAGGAAAA GTAAATGATT AAACCTAAAA 120  
 30 TAGCATTAAc CATTGCAGGT ACTGATcCaA CAGGTGGTGC CGGCGTAATG GCTGATTTAA 180  
 AATCATTTCA TTCATGTGGT GTATATGGTA TGGGCGTCGT TACAAGTmTT GTTGCTCAAA 240  
 ATACATTGGG CGTACAACAT ATTCATAATT TAAATCATCA ATGGGTAGAT GAACAACCTG 300  
 35 ATAGTGTCTT CAATGATACC TTACCTCATG CTATTAAAAC GGGGATGATT GCTACAGCAG 360  
 ATACTATGGA AACGATTTCGT CATTATTTAA TGCAACATGA ATCTATTCCA TATGTAATtG 420  
 ATCCTGTTAT GTTGGCGAAA rCggtGATTc ATaATGGwTA ATGACaCAAg CaAAACTTGC 480  
 40 AGCATaCGTT ATTGCCATTA GCTGACGTAG TAACACCGAA TTTACCAGAA GCTGAAGAAA 540  
 TAACGGGACT AACCATTGAT AGTGAAGAAA AAATTATGCA GGCTGGCCGC ATCTTTATTA 600  
 ATGAGATTGG TAGTAAAGGT GTCATCATTA AAGGCGGTCA TTCAAATGAT ACTGATATAG 660  
 45 CAAAAGATTA TTTATTTACT AACGAAGGTG TTCAAACATT TGAAAATGAA CGATTTAAAA 720  
 CAAnACATAC GCATGGAACA GGGTGTACAT TTTCAGCAGT TATAACGGCA GAACTTGCAA 780  
 AAGGTAGACC ATTATTTGAG GCTGTACACA AGGCTAAAAA GTTTATTTCA ATGAGTATAC 840  
 50 AATATACGCC TGAAATCGGC CGTGGTAGAG GTCCAGTGAA TCATTTTGCA TATTTAAAGA 900

TGTATACAA ACGATGTAGT TAAAAATTTT ACAGCGAATG GTTTATTAAG TATTGGTGCT 1020  
 AGCCCTGCAA TGAGTGAAGC TCCCGAAGAA GCTGAAGAAT TTTACAAAGT TGCACAAGCG 1080  
 5 CTATTAATCA ATATCGGTAC TTTAACAGCA GAAAATGAAC AAGATATTAT TGCGATTGCT 1140  
 CAAACGGCAA ATGAGGCAGG CTTACCTATT GTATTTGACC CTGTAGCTGT TGGTGCTTCT 1200  
 ACATATCGAA AGCAATTTTG TAAATTATTA TTGAAATCAG CGAAAGTATC AGTAATTAAA 1260  
 10 GGCAATGCAT CTGAAATATT AGCGTTGATT GATGATACAG CAACTATGAA AGGTACAGAT 1320  
 AGTGATGCTA ATCTTGATGC GGTGCAATA GCGAAAAGG tTACGCAACA TATAAACTG 1380  
 15 CAATAGTAAT CACAGGTAAA GAGGACGTTA TTGtTCmAGA TAATAAAGCC TTCGTATTAG 1440  
 CTAATGGATC TCCATTATTA GCACGAGTAA CTGGAGCTGG TTGTTTATTA GGAGGCGTTA 1500  
 TTGCTGGATT TTTATTTAGA GAAACAGAAC CAGACATAGA AGCGTTAATT GAAGCGGTAA 1560  
 20 GCgkATTTAA TATTGCTGCT GAGGTAGCTG CTGAAAATGA AAATTGTGGT GGTCTGGTA 1620  
 CGTTTTACC ATTGTTGCTT GATACGTTAT ATCATTTAAA TGAAACAACC TATC 1674

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 210:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 2232 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 210:

35 ATGAGTTGCC GATGAATTTA GCACCACCAA CGATTGCTT TGATACTGTG TCCCAACCAG 60  
 CTGTTTAGC ATATTTAATA CCTTCACGTA AAGGATCGTT ATCATATGCA GCAATACCAA 120  
 ATACGTTATG GTATTTCTG TTTGAGTTAG TTACAACTTT GTTTGCACT ACATCTGCAC 180  
 40 CTTTCGCTAA TTGAGAAGTA CCGTTACCTG TTTCTAATAG GGCATGTGAG ATAAGATAAA 240  
 CTTCATTAAT GCCATACATT TGAGCAGCTT TGTTAAATGC AGCACCTTGG TTTTCTAATA 300  
 CACCTTTACC TTTTAAGAAT TGATTAATTT TATCAATAGA AATATTTTGT GGTGCTCTA 360  
 45 AGCGTAAGAA TTGATATTTT AATGCTGGAT CTTGAGCTAA ACGCTTCGTA TCCATTGCAT 420  
 GCTTAACATC ATTAAATTTA GCATCTGTCC ACTTACCTGG TACACGTTGT ACTTGTGGTT 480  
 50 TATATTGTAA ACCAGCTTGT ATTTGAGCAA CTTGGTTTAA TGTCATACCT GTTTGATTAT 540  
 ACTTAATTAA TTCTTTAGCT AAATCAGTTG ATTAAATCCA TGCTAATTTA CCGTTAGATA 600  
 ATTTACCATA GTACCAAGTT TGTCCATTAA TGAATTGTTT TTTAACAAC GCGAATGGTT 660



AACCATTACC ATTTTAAATT ACATAAGTGT AGTTATAATC TTTGGCAGCT GATGTAGTTG 780  
 GTTTCACAGC AGTTGGTGCA GTTAAATCTT TTGCATTAC CCAACCAAGT CGGTTATTAA 840  
 5 TAGTACCGTA TAAATAAACA TCTTTGCCTA CAGATACTTG TTTCGTTGCA TTAAATGTAC 900  
 CTTGAGCAAT GTTATTGCCT GTTAAAATGA CTTGGTTTTT AGTACCCCAA GGAACCAATTG 960  
 10 ATAAGCCGTT ATTTGATTGA TTAACAGTAT ATTTTGTAGT CGTTTTAACT TCTTTGCCTA 1020  
 AGTTTTGAAC ATTTAAGTCT TTTACATTGA ACCAACCTAA TGGGATGTTA TGGCTTGTAT 1080  
 TGTTTAATAA TACATACGTT TCATTACCAT GAGCACGCTC TTTTGTTACA TAGAACGTAC 1140  
 15 GGTCTGCATA TTTCGCACCG TTTTTCGCTG TTTTTCATA AACAGAAGCA CGAATACCAG 1200  
 TGTTGTTTGG TTAACTTGA GCAATCTTGC TAACTGTTTG AGTCGTTTGT GGTTTAGTAA 1260  
 CAGTATAAGC TTTTACAGCT GTTTTTGGTT GTGCTACTGC TTTTGTAGGT GCAGCAGGTA 1320  
 20 CAGCTAAATA TGCTTTACTT ACCCAACCAG ATTTACCATT TACAGTTCCA AATAAATAGA 1380  
 TAGATTTATC AATTTGTTGT TGCTTAGTCG CTTTAAAAGT TTGGTTACCT GTACCAGAAA 1440  
 CTGCACCAGC TTCTTGTTTA TAAGTGCCCC AAGGTACTGA ATATAATTTA GTGCCTGGgT 1500  
 25 TTAAGTGATA TGTTTGCATT ACATTTACAG GTGATTTTGC ATTGTTATAA ATACGTCACC 1560  
 TTGTTTAACC CAACCAATTA AAGTTGGACT ATTGTAATCT TTAAGTAAGT AGAATTTGTT 1620  
 30 TCCACCTAAA CTGCTTCTT TTGTTACAGC AAATGTTTTT TGAAGTTCTT TCGTTGGCTT 1680  
 ACCAGTTTTG TCATAAACTG TAGTGAATAA GCCATTGTTT TTAGCATTAA TTTGAGCAAC 1740  
 ACCGTTTAAT GATGAACTG TTAATTTATT ATTTGTTGTA GGTGTTGATG GCTTAGGTGT 1800  
 35 TGGTGTAGGC GTAGGTTTAG CAGTATCAAC TAAATATGCT TTAAGTACCC AACCAGATTT 1860  
 ACCATTCACA GAGCCATATA AATAAATTGA TTTATCAATT TGTTGTTGCT TTGAAGCCTT 1920  
 AAATGTTTGG TTTCCAGAGC CAGACACACT ACCAGCAACT TGTTTAGATG TACCCCAAGG 1980  
 40 TACTGTATAA AGTTTCGTAC CAGGTTTGAT TGAATATGAT TGATTTACAT TTACAGGTGA 2040  
 TTTAGCTGTG TTGTAAACCA CATCGCCTTC TTTAACCCAA CCAAATTTAT TACCAGAATT 2100  
 45 GTAATCTTGA ACAAGATAGA ATTTTGTGAT ACCTAATGTA GCTGTTTTAG ATACAGCAAA 2160  
 TGTTTTTTGA ACTTCATTAG TTGCTTTACC AGTTTTGTCTG TATACAGTAG TATATAAACC 2220  
 ACTATTTGTT GG 2232

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 211:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 2082 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 211:

5	GATTTAAATA AAATTAATGG ATATCGTGAT CGTACGATGT TAGAACTTCT GTACGCAACG	60
	GGAATGCGTG TATCTGAATT GATACATTTA GAGTTAGAAA ACGTGAAGTT AATAATGGGA	120
	TTTGTACGCG TATTTGGTAA AGGCGATAAA GAAAGAATTG TACCATTAGG CGACGCAGTC	180
10	ATTGAGTACT TAACTACTTA TATTGAAACG ATTAGACCGC AACTTTTAAA AAAGACTGTT	240
	ACTGAAGTCT TATTTTAAA TATGCATGGT AAACCTTTAT CACGACAAGC AATATGGAAA	300
	ATGATTAAAC AAAATGGTGT AAAGGCAAAC ATTAAAAAGA CGTTAACGCC ACATACGTTA	360
15	CGCCACTCTT TTGCGACACA TTTATTGGAA AATGGCGCAG ATTTAAGAGC AGTGCAAGAG	420
	ATGTTAGGtC ACTCTGaCmT ATCTACTACC CmaCTCTATA CmCATGTTTC GrAATCTCAA	480
	ATTAGAAAAA TGTATAACCA ATTTCATCCT AGAGCATAAA GTGAACAATA ACTCAAAAGT	540
20	CACAATACAC ATGACTAAAA ATGTCTGTGC TATTGTGGCT TTTTAAATT GGTGATTAA	600
	TTACGTCTAT GTTTTCTTAA TTGAATCGCT TCTTCTTTTG CTGCAATCAC TTCTGAACGA	660
25	TCACGGCGCA TGTGATGGTC TACAATAAAA GGATCTGTTG CTGTTTCCTG ATTATAATCA	720
	TAGTCTGGAT AGTTGGCCTT GATGATGCGT TCAAAGACTG GAGTTATTGG TAATATAACA	780
	GATGAAAAAG GCTTTGCTGC ATTCAATTTT GCAATCTGTT GCTCAATTAA CAACTGATAA	840
30	TCATTTAAAT TAAGGTATAA CGCATCTCTA TCTTTAGCAT TTTGTATTAT TTCTTTAGAT	900
	TTATTAAAAG ACTTATAGGC GCCTTTTAAA TTATTGCGGC GATAATGGTA ACAAGCAGTT	960
	GCAAACAAGA TTAAACTAAC AACTGCATCT TGCTTACTGT AGTTATTTTC AGCTTTCCAT	1020
35	GCATCTTCTA AAATGTCATG ACATAGGAAA TAATGTTGCT TAGTATGAAA TTGATAATAG	1080
	AAATTTATCA GTGCCTGTTG CATTTTGTTA TCACCCCAAT TTAAAAGTAA GTTATTTTCA	1140
40	TGCTATAATA TTTTAGAGAA TTATGCACAT ATGACGCAAT ACGAGGTAGA TATTATGTAT	1200
	GAAGTTAAAT TAGATGCTTT CAATGGACCA TTAGATTTAT TGCTGCATCT TATCCAAAAA	1260
	TTTGAAATAG ATATTTATGA TATTCCTATG CAAGCATTAA CAGAGCAGTA TATGCAGTAC	1320
45	GTTCATGCAA TGAAACAGCT TGAAATTAAT ATTGCAAGTG AATACCTAGT ATTAGCGTCA	1380
	GAACTCTTAA TGATTAAAAG TAAGATGCTA TTACCACAAT CAACATCAGA TATGGATGTT	1440
	GATGATGACC CACGGGAAGA TTTAGTtGGG CGTTTAATAG rATATCaAAA TTATArAGAA	1500
50	TATACTGCTa TTTTAAATGA CATGAAAGAA GAAAGAGATT TTTATTTTAC CAAAAGACC	1560
55	GACAGATTTA TCtCATTTGG AAACAGATGA ATCyTGGGAT CCaATCATA CGATTGATTT	1620

	ATCTGTTGAA ATCCGAAAAG AGACATTTAC CATTCAACAA GCTACAGAAC AAGTGACATC	1740
	GAGATTGAAA GATAAAGATC ATTTTAACTT CTTTAGTCTG TTTACGTTTT CTGAGCCAAT	1800
5	TGAACAAGTA GTCACCTACT TTTTAGCTAT TTTAGAGATG TCAAAAGCAG GAATAATTAA	1860
	TATTGAGCAA CAACGTAATT TTGAAGATAT TAACATTATT AGAGGAGTGA ACTACCATTT	1920
10	TGGATAATCA TGGTATATTA GAGTCGCTTT TATTACAGC TGGCGATGAA GGTTTAGATG	1980
	AAAAACAACCT ATTAGAAATA TTAGATATGT CGAAAGACCA ACTCGTTGAA TTAATTGAAA	2040
	ATTATTCATC ACATGGATTA ATGATACAAC GATTGGAAT GA	2082

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 212:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4219 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 212:

25	TCTATTCTCG TTCTTCCAAG ACCCTGaATT AGAAGTTAAG AAAATCGAAG AAGATGAGAA	60
	AGAATCTATT AAAAAAGCTC AAAAAGGTAT TTATAAAGAC CCTAGAGACA TCAATGATGA	120
30	CGAACAAGAT GATGATACAA AAGATACTGT TGATAAAAAG GAATGATTGT AATTGCCTAA	180
	CAAAAACACT CAAGAATATT GCGAAGAACG CGGACGCAAA GCAATCGAGA ATGAGTTGAA	240
	GCGTGATAAA ACTAAAGCTG AAGAAATAGA ACGTATATTG AATATGATGA TTAAGCGCAT	300
35	TGAAAAGAG ATCaATGCGT TTATTGTCAA GTACGGAGAT TTTGCAGGCG TTACATTACA	360
	AGAAGCACAA AAGATTATTG ATGAGTTCGA TGTAAAAGCG TTTCAAGAAG AAGCAAAAAG	420
	ATTGGTTCGAA AACAAGGAGT TTAGCGATAG AGCAAATGAA GAATTAAAGA AGTATAACAC	480
40	GAAAATGTAT GSTATCTAGAG AACAGATGTT AAAGATTCAA ATAGAATTCT TAATTGCTTA	540
	TGCAACAGCT CAAACAGAAT TATCGATGAG GGAATATTTC GAATCAACAG CTTATCGTGT	600
45	GTTCAAGTAT CAAGCGGGTA TTTTAGGTGA AGGTGTACAA GTAGCTAAAG AAGTTATAGA	660
	TACAATCGTT GATACACAAT TTCATGGTGT CGTTTGGTCA GAGCGATTAT GGACTAATAC	720
	CGAAGCAATG AAACAAGAAG TAGAAGAAAT AATTGCTAAT GTAGTTATTA GAGGTCGACA	780
50	TCCTAATGAA TATGTTAAAG ATATGCGCAA CACTTAAATA AATTCGAAGG CACAGCACGA	840
	CAAAGACCG CAGCAATTAA ATCATTGCTT TATACGGAAT CGGCACGTGT TCACGCACAA	900
55	TCAAGCATTG ACAGCATGAA AGAAATTTCA CCGGAAGgAT ATTATATGTA TATTGCAAAA	960

	GACGCTAAAA TTGGTGTTAA TTTCTATCCT ATGCATATCA ATTGTCGTTT AGATTGCGCT	1080
	TTACTACCTA AATCTATGTG GCCGAAAAAA CCAAGCAAGA AACGAAAAAC AAAATACTTC	1140
5	GGAGGGAAAG TGAAAAGCGG TGATTGATTT AAAAGTGAAG TTTTTTAAAG GCAAGTTAGT	1200
	TTTGTATGAC AGTAAATTAA ATGTTTGGAG GATACTAATA TGAGTAATAC TGACAAATAC	1260
10	CTTAGAGACA TAGCAAGAGA ATTAAAAGGT ATACGTAAAG AGTTACAAAA GCGAAACGAA	1320
	ACAGTTATTA TTGATGCAAA CTTAGACAGT TTAAGGTCGG CAGTATTAGC CGATAAAGAA	1380
	AAATCGAAAT ATAATGAACC TCTCTTTTAA TAGCTAGCAC TTAATTGTGT TGGCTATTTT	1440
15	TTATGTCCAA AACGTGCTGA TGACATAAAA AGCACGCATG GAAAAACAGT CGACAGACTA	1500
	TAAATGGAGG TATATCTCAT GGAAGAAAAT AAACCTAAGT TTAATTTGCA aTTTTTTGCA	1560
	GACCAATCAG ATGATCCGGA CGAACCAGGC GGAGATGGTA AAAAAGGAAA TCCTGATAAG	1620
20	AAAGAAAATG ACGAAGGTAC TGAAATAACT TTCACGCCAG AGCAACAAAA GAAAGTTGAT	1680
	GAAATACTTG AACGTCGTGT AGCCCACGAA AAGAAAAAAG CTGATGAGTA TGCAAAAGAA	1740
	AAAGCAGCAG AAGCTGCTAA AGAAGCTGCT AAATTAGCGA AAATGAACAA GGATCAAAAA	1800
25	GATGAATATG AACGCGAACA AATGGAAAAA GAACTGGAAC AATTACGTTT AGAAAAACAA	1860
	TTAAACGAAA TGCGTTCAGA AGCACGAAAA ATGTTGAGTG AAGCGGaAGT TGATTCATCA	1920
30	GATGrGGTTG TCAATTTAGT TGTAACAGAT ACTGCTGAAC AAATAAATT GAATGTTGAA	1980
	GCTTTTTCTA ATGCAGTAAA AAAAGCGGTT AATGAAGCGG TTAAGGTTAA CGCTAGACAA	2040
	TCGCCATTGA CTGGTGGAGA TTCATTTAAT CACTCGACTA AAAATAAACC GCAAACTTA	2100
35	GCTGAAATAG CTAGACAAAA AaGAATTATT AAAAATTAAC GGAGGCATTT AAATGGAACA	2160
	AACACAAAAA TTAAAATTAA ATTTGCAACA TTTTGCAAGT AACAATGTTA AACCACAAGT	2220
	ATTTAACCCT GACAATGTAA TGATGCATGA AAAGAAAGAT GGCACGTTGT TAAACGACTT	2280
40	TACAACACCT ATCTTACAAG AGGTTATGGA AAACCTCTAA ATCATGCAAT TAGGTAAGTA	2340
	CGAACCAATG GAAGGTACTG AGAAGAAGTT TACTTTTTGG GCTGATAAAC CAGGTGCTTA	2400
45	CTGGGTAGGT GAAGGTCAAA AAATCGAAAC GTCTAAGGCT ACTTGGGTTA ATGCTACAAT	2460
	GAGAGCGTTT AAATTAGGGG TTATCTTACC AGTAACAAAA GAATTCTTGA ATTACACTTA	2520
	TTCACAATTC TTTGAAGAAA TGAAACCTAT GATTGCTGAA GCTTTCTATA AAAAGTTTGA	2580
50	CGAGGCAGGT ATTTTGAATC AAGGTAACAA TCCGTTCCGT AAATCAATTG CACAATCAAT	2640
	TGAAAAAACT AATAAGGTTA TTAAAGGTGA CTTACACAA GATAACATTA TTGATTTAGA	2700
55	GGCATTGCTT GAAGATGACG AATTAGAAGC AAATGCATTT ATCTCAAAAA CACAAAACAG	2760

	TGATTCGTTA GACGGTCTAC CTGTGGTTAA CCTTAAATCA AGCAACTTAA AACGTGGTGA	2880
	ATTAATCACT GGTGACTTCG ACAAATTGAT TTATGGTATC CCTCAATTAA TCGAATACAA	2940
5	AATCGATGAA ACTGCACAAT TATCTACAGT TAAAAACGAA GATGGCACAC CTGTAAACTT	3000
	GTTTGAACAA GACATGGTGG CATTACGTGC AACTATGCAT GTAGCATTGC ATATTGCTGA	3060
	TGATAAAGCG TTTGCTAAGT TAGTTCCTGC TGACAAAAGA ACAGATTCAG TTCCAGGAGA	3120
10	AGTTTAATAA ATAATTAGGA GTGGTAACAT GCCCGAAATC ATTGGAATTG TTAAAGTAGA	3180
	TTTTACAGAT TTAGAAGATA ACAGACATGT CTATATGAAA GGGCATGTCT ACCCTCGTAA	3240
	AGGTTATAAT CCTACAGATG AACGTATCAA AGCTTTAGCT AGTGTGAAA ATAAACGCAA	3300
15	CAAACAAATG ATTTACATTG TAAATGACAA ATTAACCAA AAAGAAGTTG TCGAAATAGC	3360
	AAGTGTTGCT GGCTTACAAG TTGATGAAAA ACAAAACAAA GCTGAAATTA TCAATGCTTT	3420
20	TGAGTCACTA GAGTAGGTGG TTATATGACT ACGCTAGCTG ATGTAAAAAA ACGTATTGGT	3480
	CTTAAAGATG AAAAGCAAGA TGAACAATTA GAAGAAATCA TAAAAGTTG TGAAAGCCAG	3540
	TTGTTATCAA TGTTACCTAT TGAAGTTGAA CAAATACCGG AAAGgTTTAG TTACATGATT	3600
25	AAAGAAGTTG CAGTTAAACG CTACAACAGG ATTGGTGCTG AAGtATGACA TCAGAAGCGG	3660
	TTGACGGACG TAGCAATGCG TATGAATTGA ACGATTtCAA GGAGTATGAA GCTATTATTG	3720
	ATAATTACTT TAATGCTAGA ACGAGAACTA AAAAAGGAAG GGCTGTGTTC TTTTGAGATA	3780
30	TGAAGATAGA GTTATTTTTT AATTAGAACA AGTAGCAACT TACAATCCTA AACTAGCAA	3840
	AAAAGAAAAC AACTAATCA CTTATGATGC GATACCATGC AATATTAACC CCATTTCTAG	3900
35	AGCAAGAAAG CAACTTGAAT TTGGTGATGT AAAAAACGAT GTAAGTGFTC TGAGGATAAA	3960
	AGAATCAATA TCTTACCCTG TTAGCCACGT GTTGGTTAAT GGCATTCGCT ACAAGATAGT	4020
	TGATACAAGG ATATACAGAC ACGAAACGTC ATATTATATC GAAGAGGTCA ATTGATGAAT	4080
40	ATAGATGGAT TAGACGCACT GTTAAACCAA TTTCACGATA TGAAAACCAA CATTGATGAT	4140
	GATGTAGATG ATATTTTACA GGAAAACGCC AAAGAATATG TAGTACGAGC TAAATTGAAA	4200
45	GCTAGAGAAG TAATGAATA	4219

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 213:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1999 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear



	GCTTACAAGT ATATTCATAA TTACATATTC AAGGTCCTTG CATGTGGTAT TTTGCTATGG	60
	yCtTTaACTA CAACGGGGTC TAAGACTGCG TTTATCATAT TAATCGTCTT AGCCATTtAT	120
5	TyCTTTATka AAAAGTTATT TAGTAGAAAT GCGGTAAGTG TTGTGAGTAT GTCAGTGATT	180
	ATGCTGATAT TACTTTGTTT TACCTTTTAT AATATCAACT ACTATTTATT CCAATTAAGC	240
	GACCTTGATG CCTTACCGTC ATTAGATCGA ATGGCGTCTA TTTTGAAGA GGGCTTTGCA	300
10	TCATTAAATG ATAGTGGGTC TGAGCGAAGT GTTGATGGA TAAATGCCAT TTCAGTAATT	360
	AAATATACAC TAGGTTTTGG TGTCGGATTA GTGGATTATG TACATATTGG CTCGCAAATT	420
	AATGGTATTT TACTTGTTGC CCATAATACA TATTTGCAGA TCTTTGCGGA ATGGGGCATT	480
15	TTATTCGGTG CATTATTTAT CATATTTATG CTTTATTTAC TGTTTGAATT ATTTAGATTT	540
	AACATTTCTG GGAAAAATGT AACAGCAATT GTTGTAAATG TGACGATGCT GATTTACTTT	600
20	TTAACAGTAT CATTTAATAA CTCAAGATAT GTCGCTTTTA TTTTAGGAAT TATCGTCTTT	660
	ATTGTTCAAT ATGAAAAGAT GGAAAGGGAT CGTAATGAAG AGTGATTCAC TAAAAGAAAA	720
	TATTATTTAT CAAGGGCTAT ACCAATTGAT TAGAACGATG ACACCACTGA TTACAATACC	780
25	CATTATTTCA CGTGCATTTG GTCCCAGTGG TGTGGGTATT GTTTCATTTT CTTTCAATAT	840
	CGTGCAATAC TTTTGTATGA TTGCAAGTGT TGGCGTTCAG TTATATTTTA ATAGAGTTAT	900
30	CGCGAAGTCC GTTAACGACA AACGGCAATT GTCACAGCAG TTTTGGGATA TCTTTGTCAG	960
	TAAATTATTT TTAGCGTTAA CAGTTTTTGC GATGTATATG GTCGTAATTA CTATATTTAT	1020
	TGATGATTAC TATCTTATTT TCCTACTACA AGGAATCTAT ATTATAGGTG CAGCACTCGA	1080
35	TATTTCATGG TTTTATGCTG GAACTGAAAA GTTTAAAATT CCTAGCCTCA GTAATATTGT	1140
	TGCGTCTGGT ATTGTATTAA GTGTAGTTGT TATTTTTGTC AAAGATCAAT CAGATTTATC	1200
	ATTGTATGTA TTTACTATTG CTATTGTGAC GGTATTAAAC CAATTACCTT TGTTTATCTA	1260
40	TTTAAACGA TACATTAGCT TTGTTTCGGT TAATTGGATA CACGTCTGGC AATTGTTTCG	1320
	TTCGTCATTt AGCATACTTA TTACCAAATG GACAGCTCAA CTTATATACT AGTATTTCTT	1380
45	GCGTTGTTCT TGGTTTAGTA GGTACATACC AACAAGTTGG TATCTTTTCT AACGCATTTA	1440
	ATATTTTAAC GGTGCAATC ATAATGATTA ATACATTGTA TCTTGTAATG ATTCCGCGTA	1500
	TTACCAAAT GTCTATCCAG CAATCACATA GTTTAACTAA AACGTTAGCT AATAATATGA	1560
50	ATATTCAATT GATATTAaCA ATACCTATGG TCTTTgGTTT AATTGCaATT ATGCCATCAT	1620
	TTTATTTATG GTTctTTGGT GAGGAATTCC CATCAACTGT CCCATTGATG ACCATTTTAG	1680
55	CGATACTTGT ATTAATCATT CCTTTAAATA tGTTGaTAAG CaGGCAATAT TTAtTAAtAG	1740

TATGTATAT TTTGATATAT TTTTATGGAA TTTACGGTGC TGCTATTGCG CGTTTAATTA 1860  
 CAGAGTTTTT CTTGCTCATT TGGCGATTTA TTGATATTAC TAAAATCAAT GTGAAGTTGA 1920  
 5 ATATTGTAAG TACGATTCAA TGTGTCATTG CTGCTGTTAT GATGTTTATT GTGCTTGGTG 1980  
 TGGTCAATCA TTATTTGCC 1999

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 214:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 7769 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 214:

20 TCATTATTAA GACTATTATA TATAATGAAT TTAACTGGT TTATTAAACG AGAACGTCGG 60  
 GAATTAAGTA ACTACAATAA AAATAAGATA TGACAATAAG GAGACTACAC GCGTGATCAT 120  
 TGCCATAATT ATATTGATAT TTATTTTCGT TTTCTTTTCA GGAAGCGAGA CGGCATTAAAC 180  
 25 GGCTGCCAAT AAAACAAAAT TAAAACTGA AGCTGACAAA GGTGATAAAA AAGCAAAAGG 240  
 CATTGTAAAG TTAATTGAAA AACCAAGTGA GTTTATTACA ACGATTCTAA TTGGGAATAA 300  
 TGTCGCGAAT ATTTTATTAC CAACACTTGT TACAATTATG GCTTTACGTT GGGGGATTAG 360  
 30 CGTTGGTATT GCATCAGCTG TTTTAACAGT TGTATCATT TTGATCTCCG AAGTGATTCC 420  
 CAAGTCTGTC GCTGCAACAT TTCCAGATAA AATAACAAGG CTTGTATATC CAATTATTAA 480  
 TATTTGTGTC ATTGTGTTCC GTCCTATCAC ATTACTTTTA AATAAGTTGA CGGACAGTAT 540  
 TAATCGAAGT TTATCTAAGG GCCAACCTCA AGAACATCAA TTTTCAAAAG AAGAATTTAA 600  
 AACAAATGTTA GCAATTGCTG GACATGAAGG TGCTTTAAAT GAAATTGAGA CGAGTAGGTT 660  
 40 GGAAGGTGTC ATTAATTTTG AAAATTTAAA AGTAAAAGAT GTAGATACAA CACCTAGAAT 720  
 TAATGTGACG GCATTTGCTT CAAATGCGaC ATACGAAGAA GTTTATGAAA CGGTTATGAA 780  
 TAAGCCATAC ACTAGATATC CAGTGTACGA GGGAGATATT GATAACATTA TTGGGGTGTT 840  
 45 TCATTCTAAA TATCTGTTGG CTTGGAGTAA TAAAAAGAA AATCAAATTA CAACTATTC 900  
 AGCTAAGCCA TTATTTGTGA ATGAACACAA TAAAGCTGAA TGGGTATTAC GTAAGATGAC 960  
 TATTTCTAGA AAACATTTAG CAATTGTGTT GGACGAATTT GGTGGTACTG AAGCGATAGT 1020  
 50 GTCACATGAA GACTTAATTG AAGAATTATT AGGTATGGAA ATTGAAGATG AGATGGATAA 1080  
 AAAGGAAAAA GAAAACTTT CTCAACAGCA AATTCAATTT CAACAACGGA AAAATCGCAA 1140

	GTATTGAATA TCCAATTATA CAAGCAGGTA TGGCAGGAAG TACGACACCG AAATTAGTTG	1260
	CATCAGTAAG TAACAGTGGT GGGTTAGGCA CAATAGGCGC AGGTTACTTT AATACGCAGC	1320
5	AATTGGAAGA TGAAATAGAT TATGTACGCC AATTAACGTC AAATTCCTTT GGCGTAAATG	1380
	TCTTTGTACC AAGTCAACAA TCATATACCA GTAGTCAAAT TGAAAATATG AATGCATGGT	1440
	TAAAACCTTA TCGACGCGCA TTACATTTAG AAGAGCCGGT TGTA AAAAATT ACCGAAGAAC	1500
10	AACAATTTAA GTGTCATATT GATACGATAA TTA AAAAGCA AGTGCCTGTA TGTGTTT	1560
	CTTTTGAAT TCCAAGCGAA CAGATTATAA GCAGGTTGAA AGCAGCGAAT GTCAA ACTTA	1620
15	TAGGTACAGC AACAAGTGTT GATGAAGCTA TTGCGAATGA AAAAGCGGGT ATGGATGCTA	1680
	TCGTTGCTCA AGGTAGTGAA GCAGGTGGAC ATCGTGGTTC ATTTT TAAA CCTAAAAATC	1740
	AATTACCTAT GGTGGAACA ATATCTTTAG TGCCACAAAT TGTAGATGTC GTTCAATTC	1800
20	CGGTCATTGC CGCTGGTGGA ATTATGGATG GTAGAGGAGT TTTGGCAAGT ATTGTCTTAG	1860
	GTGCAGAAGG GGTACAAATG GGCACCGCAT TTTTAACATC ACAAGACAGT AATGCATCAG	1920
	AACTACTGCG AGATGCAATT ATAAATAGTA AAGAAACAGA TACAGTCATT ACAAAGCGT	1980
25	TTAGTGGAAG GCTTGACGCG GGTATCAACA ATAGGTTTAT CGAAGAAATG TCCCAATACG	2040
	AAGGCGATAT CCCAGATTAT CCAATACAAA ATGAGCTAAC AAGTAGCATA AGAAAAGCCG	2100
	CAGCAAACAT CGGCGACAAA GAGTTAATAC ATATGTGGAG TGGACAAAGC CCGCGACTAG	2160
30	CAACAACGCA TCCCGCCAAC ACCATCATGT CCAATATAAT CAATCAAATT AATCAAATCA	2220
	TGCAATATAA ATAATCGACC GCAATCCACA AAAGCACAAG CACCCCCAAA CATTATTTTA	2280
35	GTGCTTGCCA TTTTGTGGA TTGCGTTTCT ATTTTACCAA TTTAATCAAA CGAAAACATC	2340
	AAGCTGAAGA TCGCCGAAAG ATTTTAATCA AGCAAAAACA TCAA ACTAAA GTTCGCTGAA	2400
	ATGATTATGA TAAAAGTTAT ATGGTATGAT GACATTGGTG ATATATATGA TAAACATCGG	2460
40	ATTAACAGGT TGGGGTGATC ACTATTCATT ATATGAAGAT TTAGAACGCC AAACCGATAA	2520
	ACTTAAAACA TATGCTGGAC ATTTTCCGGT TGTCGAATTA GATGCGACAT ACTATGCGAT	2580
	ACAACCGGAA AGAAATATAT TGAAATGGAT AAAAGAAACG CCTGATACAT TTGAATTTGT	2640
45	GGTCAAAATT CATCAAGCAC TcACATTGCA TGCAGACTAC AAAACATTTG CAGATACAAG	2700
	GCAAGAACTA TTTGATCAAT TTAAGAATAT GTTAGAGCCC TTACATACAC AGAAAAAATT	2760
50	AGCAATGGTA TTGGTTCAAT TTCCGCCATG GTTTGACTGC AATGCACAAA ATATCAAATA	2820
	TATTTTGTAT GTAAGACAGC AATTACAAGC ATTTCCAATG TGTGTAGAAT TTAGGCATCA	2880
	ATCATGGTTT AGTGATGCAT TTAAAGAACA AACATTGGCA TTTTTAACAG AACATCAAAT	2940
55		

	AATCACAAAT GAAATTGCGT TTGTACGTTA TCATGGACGT AATCATTACG GTTGGACTAA	3060
	GAAAGATATG TCAGATCAAG AATGGCGCGA TGTACGCTAT TTATATGATT ATAATGAGCA	3120
5	AGAATTAATA GACTTGGCAC AAAAGGCACA AATATTAGCA CAAAAAGCTA AGAAAGTTTA	3180
	CGTCATATTT AACAATAATT CTGGTGGTCA TGCAGCAAAT AATGCCAAAA CATATCAGCG	3240
	ATTATTGAAT ATAGAATATG AAGGGTTAGC ACCACAACAA TTAAAATTAT TTTAAGAGGC	3300
10	GACGACTATG TTATTAACAA TTACATTATT AGTTTAAATC GGAGGTTTGT CAGCGATTAT	3360
	AGGGTCTATC GTAGGCATTG GAGGCGGTAT TATTATCGTT CCAACAATGG TTTACCTCGG	3420
15	TGTTGAACAT GGATTACTAC ATAATATTAC AACACAAGTA GCGATAGGGA CGTCTTCAGT	3480
	CATTCTAATT GTGACAGGAC TTTCTTCATC ACTTGGATAT TAAAAACAA AACAAGTTGA	3540
	TATTAAAAAT GGTTCATCT TTTATTTGG ACTATTACCA GGTTTCATTGC TTGGGTCCTT	3600
20	CATTAGTAGA TATTTAACAT TTGAGTCATT TAATTTATAT TTTGGTATCT TTTAATTTT	3660
	CGTAGCCATT TTATTAATGG TAAGAAATAA GATTAAACCG TTTAAATTT TCGATAAACC	3720
	CAAGTATGAA AAGACTTATG TAGACGCTAA AGGTAAAACA TATCATTATA GTGTTCCACC	3780
25	ATTGTTTGCT TTTATTACAA CGTTTTTAAT TGGTATATTG ACAGGTTTAT TTGGTATTGG	3840
	AGGTGGCGCA CTAATGACGC CACTAATGCT TATTGTATTT AGATTTCCAC CTCATGTAGC	3900
30	TGTTGGAACA AGTATGATGA TGATTTTCTT TTCAAGTGTC ATGAGTTCTA TAGGGCACAT	3960
	TGCTCAAGGT CACGTAGCTT GGGGTTATGC AATCATTTTA ATTATTTCTA GTTATTTTGG	4020
	TGCGAAAATC GGTGTCAAAG TGAATCAATC AATTAAGTCA GATACGGTAG TAACATTATT	4080
35	GAGAACAGTA ATGTTGTTAA TGGGTATATA TTTAATTATT CGTGCGTTGA TTTAATACAA	4140
	CTTTAAAAGG AGGACGTCAA TTTGAGGCTT ACAATTTATC ATACGAACGA TATTCATAGT	4200
	CATTACATG AATACGAACG CATTAAAGCA TATATGGCAG AACATCGGCC ACGACTTAAT	4260
40	CATCCTTCTT TATATGTTGA TCTAGGTGAT CATGTAGATT TATCCGCACC TATAACTGAA	4320
	GCAACTTTAG GTAAAAAGAA TGTGGCATTG CTAAATGAAG CAAAATGTGA TGTTGCAACA	4380
45	ATCGGTAATA ATGAAGGGAT GACCATTTC A TACGAAGCTT TAAATCACCT TTACGACGAA	4440
	GCAAAATTTA TAGTGACATG TAGCAATGTT ATAGATGAAT CAGGTCATTT ACCAAATAAT	4500
	ATCGTTTCTT CTTATATTAA GGACATAGAC GGTGTGAAAA TACTATTCGT TGCAGCGACA	4560
50	GCACCTTTTA CCCCATTTTA TCGTGCACTA AATTGGATTG TTACCGATCC ACTTGAATCT	4620
	ATAAAAGAAG AAATTGAACT TCAACGAGGT AAATTTGATG TATTAATCGT GCTAAGTCAT	4680
55	TGTGGCATT TCTTCGATGA AACATTATGC CAAGAATTGC CTGAAATTGA TGTCATTTTT	4740

	GCAGCTGGAA AGTATGGTAA TTATCTTGGA GAGGTTAATT TAACTTTTGA GGCACATAAA	4860
	GTAGTACATA AAAGTGCAAA GATTATTCCT TTAGAAACAT TACCTGAAGT TGAAACTTCA	4920
5	TTTGAAGAAG AAGGAAAAAC GTTAATGTCC AATTCAGTAA TTCAACATCC AGTAGTGCTT	4980
	AAGCGTAGTA TGAATCACAT AACTGAAGCT GCATACTTAT TAGCTCAAAG TGTTTGTGAG	5040
	TATACACATG CACAATGTGC CATCATCAAT GCTGGCTTAC TCGTTAAAGA TATTGTAAAA	5100
10	GATGAAGTGA CAGAATATGA CATTATCAA ATGTTACCGC ATCCGATTAA TATGGTAAGG	5160
	GTTAGACTTT TTGGTGTGAA ATTAAAAGAG ATTATAGCTA AAAGTAATAA ACAAGAATAT	5220
15	ATGTATGAAC ATGCACAAGG TTTGGGTTTC AGAGGGAATA TATTTGGAGG ATATATTCTT	5280
	TATAATTTAG GGTACATTCA TTCTACAGGG CGTTACTATC TGAATGGAGA AGAAATCGAA	5340
	GACGACAAAG AATATGTACT AGGTACGATA GATATGTATA CGTTCGGTCG TTATTTCCCA	5400
20	ACATTGAAAG AATTACCAA AGAGTATTTA ATGCCAGAGT TTTTAAGAGA TATATTTAAA	5460
	GAAAAATTAT TGGAATATTA AAAAGTAAGA TTATTGGATT TTCATTTGTC ATGAATTTTCG	5520
	ATATAATGTT TAAAGATACA CTTAACAGGA GGGTATGTGT TGTTATGGCG AAAAAAACG	5580
25	AGGAAATATT ACGTAAACCG GATTGGTTGA AAATAAAATT AAATACCAAC GAAAACTATA	5640
	CAGGACTTAA GAAGATGATG AGGGAAAAAA ATCTTAATAC TGTATGTGAA GAAGCTAAAT	5700
	GTCCTAATAT ACATGAATGT TGGGGTGAC GTCGTACAGC GACATTTATG ATTTTAGGTG	5760
30	CCGTATGTAC AAGAGCTTGT CGTTTTTGTG CGGTTAAGAC AGGTTTACCT AATGAACTTG	5820
	ATTTAAATGA GCCTGAACGT GTAGCTGAAT CAGTTGAATT AATGAATTTG AAACACGTTG	5880
35	TTATCACTGC TGTTGCGCGT GATGATTTAA GAGATGCTGG TTCAAATGTT TATGCTGAGA	5940
	CAGTACGTAA AGTTAGAGAA AGAAATCCAT TTACAACGAT TGAAATTTTA CCATCAGATA	6000
	TGGGCGGGGA CTATGATGCG TTAGAAACAT TAATGGCGTC AAGACCTGAC ATTTTAAACC	6060
40	ATAATATTGA AACTGTTCGT CGCTTAACAC CGAGAGTTTCG TGCGCGTGCG ACTTACGACA	6120
	GAACATTAGA GTTTTTACGT CGTTCAAAAG AATTACAACC GGATATCCCA ACTAAATCAA	6180
	GTATTATGGT TGGATTAGGT GAAACTATAG AAGAAATTTA TGAAACGATG GATGATTTAC	6240
45	GTGCGAATGA TGTAGATATT TTAACGATTG GTCAATATTT ACAACCTTCA CGTAAACATT	6300
	TAAAGGTTCA AAAATATTAC ACGCCTTTAG AGTTTGGTAA ATTAAGAAAA GTGGCAATGG	6360
50	ATAAAGGGTT TAAACATTGC CAAGCTGGAC CTTTAGTACG TAGTTCTTAT CATGCGGATG	6420
	AGCAAGTAAA TGAAGCTGCT AAAGAAAAGC AACGCCAAGG TGAGGCACAG TTAAATAGTT	6480
	AATATTTAAC CATTAAATAG GCATAAAGGC TTAGTTTGTA CAAACGAAC GTGTCATAGA	6540
55		



AGGTGAAGAA TTTGATAAAA GTAGATCAAC ATTACTTTGA ATTAATAGAA AATTATCGCG 6660  
 AATGTTTTAA TGAAGAACAA TTTATTGCTA GGTATTCAGA TATTTTAGAT AAATATGATT 6720  
 5 ACATAGTTGG TGAATATGGT TACGATCAAT TACGATTAAA AGGTTTTTAC AAAGATTCTA 6780  
 ATAAAAAGC AGAGATGAGT AAACGTTTTT CAAATATTCA AGATTACATA TTTGAATATT 6840  
 GTAACTTTGG TTGTCCTTAC TTTGTATTAA GACATTTGTC TAAACAAGAG GTTAAAAAGT 6900  
 10 TAATCGAAGA AGTTCATCCG TCTGATGTGA TAGATGACGA CAATAAACTT CAAGATGTGA 6960  
 AGATTAAGCC AACCATTCAA GATACTGAAC ATTAATAAAA CCCTTAGCTA GATTGAAAAT 7020  
 15 GGAATCATG CAATTCAAGC ATGGACCTGT AATCTAGTTA GGGGTTTTTA TCTTTAATGA 7080  
 ATGACTTCAT TTAAATACTC AGTAATTTCA TCGCCTTCTT CAGCATTTAC ACCTAAAATA 7140  
 TGAGCGATAT AGCCTTCTTC TTTTAAATCA TCAGTACCGA TAATACCGAA TTTATTTGTT 7200  
 20 TGCATATTAA GTACGAGTGT CTTACCATAA TGTCTATTTG TATGGACTAA CATCAAATCA 7260  
 TATCGACTAT GCTCGCCAAC AAAACCAACA AACTGAACTT GACTCTCTTC GTTGTCATCA 7320  
 TATAAATACA TATCAATCAT TTTGTAGCGA CTCCTTTTAA AAGTAGTAAA GTTAGTATAA 7380  
 25 CGACAAATGA AGTATACTGC AAAATTATGA TAATATATAA GTGAGAGGTG ACAAGGAATG 7440  
 TATTTTGTAG ACAAAGATAA ACTAACTCAG AAATTAGCCT ATTTACAAGC ATTAAGTATG 7500  
 GATTATCATG AGAGCAAGCA CAATCATTAT GCATTTGAAC GCATTGCTCA AATGTTGATA 7560  
 30 GAATCATCGG TAGATATAGG GAATATGATT ATCGATGCAT TTATTTTAAG GGATCCTGGT 7620  
 AATTATAAAG ATGTGATTGA TATATTAGAA CTAGAAAATG TTATTACTAA AGAAACACAG 7680  
 35 CAGGCGATTA ATAAACTGT CGGTATTCGT AAACAATTTA CATATGATTA CACAGCCTTA 7740  
 GATGTTGAGA TTATCATGCC AATGTTTGA 7769

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 215:

40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 644 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 45 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 215:

50 ACCGCCACCC ATTAATGATT GCTTAAAATC AATAGTCGTA CCATTTAATA CGGGTGCATC 60  
 TTTTTTGTCT ACTAATACTT TTAATCCAAA GTATTCTAAG ACTTCATCAT TTTCACCAGG 120  
 CGCTTCTTCT GCACCCATAC CGTATGTAA ACCAGTGCAC CCGCCACCAT TCACTTTAAT 180

55

TGCTTCTGTT AATATAACTG TTGGCATGAT AACTCCTCCT TAAAAAATCC AAGTTTCTTT 300  
 TATATGTGCA TATATATTTT GTAATAATTC TTCCGGCGAA TCACCTTCAA CAATATCACC 360  
 5 ATTTACTAAA GCATACAACC CGGCTGAACA TATACCACAA TGTGTCAGGC AACCATACTC 420  
 TAACACATCG ACATCTGGGT CATTITCCAG TTGATTAAAA ACATAATCTC CACCTTTTGC 480  
 CATGTTAGAG AGACAAAATT CTACGATCGG ATTCATACTT CACCTTCTTA TTTCATTGT 540  
 10 TACAATATTA TAGCATTTTA AACTGGTAT TTAAACATGA TGTGCTCAAT TAGCAACAAC 600  
 TGATGTTTCT TATCCCAGTT ATGTAATAGT GCCTTAGTTA GTAC 644

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 216:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1578 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 216:

25 GAATGATGAA AGGAATAGAA AAGAAAAGAT AAATAATGTA ATAGATTTAT CCGAGAAAAT 60  
 TGAAAGAACA AAAGATATGC CAATCAAGAA TACTATAACT ACTCAATTAG GAAATAAACT 120  
 30 TATTGGCACA AAAAAAGCTC GTTTTGATGA TAAGAAAGTA GTGTCGTTTG GAGCATTTGA 180  
 AGATGAATAA AATAAATGAT AGAGATTTAA CAGAATTGAG TAGCTATAGG GTTTATCAAG 240  
 ACATCAATAA AGATAATGAC TTTACAGTTA ACGAAAAACG ATTTAAGCAG GCAGATGTAT 300  
 35 TTGAAGATTT ATATAGAGAG AACTAAAAG ACACAAATAA ATTAAGAGAG TATAATTATT 360  
 TACAAAATGA AACTTTTAAA AGCGCATAAA TAGGTGATGA GATATGCTTA AAAAAGCAAA 420  
 ATTTATCTTA ATGGCAACGA TACTACTATC AGGATGTTCA ACTACCAATA ACGAATCCAA 480  
 40 CAAAGAAACA AAATCTGTAC CAGAAGAAAT GGATGCTTCA AAATATGTAG GACAAGGATT 540  
 CCAACCACCT GCAGAAAAAG ATGCGATTGA ATTTGCAAAG AAGCATAAAG ATAAAATTGC 600  
 TAAGCGAGGC GAACAATTTT TTATGGATAA CTTCGGTCTA AAAGTTAAAG CTACAAATGT 660  
 45 TATAGGTAGT GGCGATGGTG TAGAAGTATT CGTGCAATTGT GATGACCACG AyATCGTATT 720  
 TAATGCGAGT ATTCCATTTG ATAAATCAAT wATTGAsAGT GATAGCTCAT TAAGAAGTrA 780  
 50 GGAYAAAGGy GATGATATGA GTACTTTAGT TGGTGCAGTA CTCAGTGGGT TTGAATATCG 840  
 AGCACAAAAA GAAAAATATG ATAAATTATA TAAATTTTTC AAAGATAATG AAGAGAAATA 900  
 TCAATATACA GGATTTACAA AAGAAGCAAT TAATAAGACG CAAAATAGTG GTTATGAAAA 960

ACCATTGTTA AACAAAAGTG ACAGTGAATT TTCAAAAGAA TTGTCAAATG TTAAGAAGCA 1080  
 ATTAAAAGAT AAGTCTAAAG TTTCGGTAAC TACTACTCTA TTTAGTAAAA AAAAGAACTA 1140  
 5 TACTAAAAAA AGTAACAGTG AAAATGTAAT AAAAATGGCA GAAGAAATAA AAAAAGATAA 1200  
 AGAGATACCA AACGGTATAG AGCTTAGTAT AAAATTTTCG GACAATAAAA TAAATACGGT 1260  
 10 TAAACCAAAT TTTAACGGTG aAAGCACTTC AGAATATGGT GTGTTTGATC AAGAATAAAA 1320  
 TTAATGATGa AAATTTAACG GAGAATAGTG TATATTGAGT AGATCmAGAA TAAAAAGATA 1380  
 ATTCTACTAT TGTGTGAAG GCAAATAAGT AGAAGATTTT AAGTGTAATT TCTGGTGATT 1440  
 15 TAAATAATAA TATAnATGGn AGTACTGATA TAAAnACTTTT TAACCTACTA GATTCTTATA 1500  
 ATTTGCTTTC CATTTTATGA CGATTTTAC TCCAATTGAG TGATAGAATC CAAAAAGCC 1560  
 ATCTCCAAAA ATTAATCC 1578

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 217:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5137 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 217:

TGTTTTCTT GGGTTAAAC ATGCTTGCTA TGC GTTTGTA AATATGACTT GCTGTTTTnA 60  
 CCTGnATACC CGTCACACCA TGGAAGTAAA AATGTTTCTT GCTCTTGGCT TACAATTTTA 120  
 35 GCTTTAATCG CTT CATATGC TTTATATTGG TCTTCTGTTA ATTGCTGTTT TGATTCTTGT 180  
 TCGAAACAC GATCTTTAAA TGGGTCTCTT TCAACAACCG CGTCATATTT TTCAACATAA 240  
 CTTTFTTTGA TAAGTCCATC TAACTGGAT TTTGAAAAGC CCATATCCTC AATATCAGTT 300  
 40 AAAAATATTG TTTTATGTTG TTCTTCAGAC AAGTAAGCAT ACAAATCGTA TTGTTTAATA 360  
 ACTTTCTCCA ACTTAGCTAA TACTTCATCA GGATGATACC CTTCAATGAC ACGAACAGCA 420  
 45 CGCTTGGTTT TTTTAGTTAT ATTTTGTGTG AGAATCGTTT TTTCTTCAAC GATATCATCT 480  
 TTTAACAAC TCATAAGCAA TTGAATATCA TTATTTTTTT GCGCATCTTT ATAATAATAG 540  
 TAACCATGCT TATCAAATTT TTGTAATAAA GCTGAAGGTA GCTCTATGTC ATCTTTCATC 600  
 50 TTAAATGCTT TTTTATACTT CGCTTTAATA GCACTCGGAA GCATCACTTC TAGCATAGAA 660  
 ATACGTTTAA TGACATGAGT TGAACCCATC CACTCACTTA AAGCTATTAA TTCTGATGTT 720  
 AATCTGGTT GTATATCTTT CACTTCTATG ATTTTTTTTA ACTTCGAAAC GTCAAGTTGT 780

	ACAATTACAC GCACACCAGG TTGGATGACA GATTCGAGTT GTTCGGGAAT TATATAATCA	900
	AATTTATAGT CAACGCTCTT CGACGCGACA TCGACTATGA CTTTCGCTAT CATTATTGCC	960
5	ACCTAGTTTC TAGTTCATCT AAAATTTGTG CAGCTAATAC TACTTTTTTT CCTTTCTTGA	1020
	TATTTACTTT TTCATTATTT TTAATAATGCA TTGTCAATTC ATTATCATCA GAACTAAATC	1080
10	CGATAGACAT ATCCCCAACA TTATTTGAAA TAATCACATC TGCATTTTTC TTGCGTAATT	1140
	TTTGTGTGTC ATAATTTTCA ATATCTTCAG TCTCTGCTGC AAAGCCTATT AAATACTGTG	1200
	ATGTTTTATG TTCACCTAAA TATTTAAGAA TGTCTTTAGT ACGTTTAAAA GATACTGACA	1260
15	AATCACCATC CTGCTTTTTT ATCTTATGTT CTAATACATC AACCGGTGTA TAGTCAGATA	1320
	CGGCTGCTGC TTTTACAACA ATATCTTGTT CGTCAAATCG GCTTGTCCTT TGTTCAAACA	1380
	TTTCTTCAGC ACTTTGAACA TGAATAACTT CAATATCTTT TGGATCCTCT AGTGTGTGTAG	1440
20	GACCAGCAAC TAACGTCACG ATAGCTCCTC GATTTGCGAA TGCTTCAGCT ATTGCATAGC	1500
	CCATTTTTC AGAAGAACGA TTGGATACAA ATCTGACTGG ATCGATAACT TCAATAGTTG	1560
	GTCCTGCTGT AACCAATGCG CGTTTATCTT GAAATGAACT ATTAGCTAAA CGATTACTAT	1620
25	TTTGAAAATG AGCATCAATT ACAGAAACGA TTTGAAGCGG TTCTTCCATA CGTCCTTTAG	1680
	CAACATAACC ACATGCTAGA AATCCGCTTC CTGGTTCGAT AAAATGATAC CCATCTTCTT	1740
30	TTAAAATATT AATATTTTGC TGCGTACGTT TATTTTCATA CATATGCACA TTCATAGCAG	1800
	GCGCAATAAA TTTCGGTGTC TCTGTTGCTA GCAACGTTGA TGTCACCAA TCATCAGCAA	1860
	TACCTACACT CAATTTTGCA ATTGTATTTG CCGTTGCAGG TGCAACAATG ATTGCATCTG	1920
35	CCCAATCACC TAATGCAATA TGCTGTATTT CTGAAGGATT TTCTTCTATA AAAGTATCTG	1980
	TATAAACAGC ATTTGCACTT ATTGCTTGAA ATGCTAATGG TGTCACAAAT TTTTGTGCGT	2040
	GATTGTTAA CATAACGCGA ACTTCATACC CAGATTGTGT TAACTTACTT GTCAAATCAA	2100
40	TTGCTTTATA TGCCGCAATG CCACCTGTAA CGGCTAATAA TATTTTCTTC ATATTCAATC	2160
	TCCCTTAAAT ATCACTATGA CATTTACGCT TTACATCATC ATATGCGCAC AAATGCTCAT	2220
45	TACTTTTTTA TAGATACAAA TTAGTATTA TTATAACATC AATCATTGGA TAAACTAAAA	2280
	AAACACACCT ACATAGGTGC GTTTGATTTG GATATGCCTT GACGTATTTG ATGTACGTCT	2340
	AGCTTCACAT ATTTTAAATG GTCGAAACTA TTCTTTACCA TAATAATCAC TTGAAATAAC	2400
50	AGGGCGAATT TTACCGTCAG CAATTTCTTC TAACGCTCTA CCAACTGGTT TAAATGAATG	2460
	ATATTCACTT AATAATTCAG TTTCAAGTTG TTCATCAATT TCACGCGCTC TTTTCGCTGC	2520
55	AGTTGTTGCA ATTAAATACT TTGATTTAAT TTGTGACGTT aATTGGTTtA AAgGTGGATT	2580

	TTTA <sub>x</sub> GTGcT CAGCTTCTAC AATACATTGA ATTc <sub>t</sub> ATTcy TCGcAAGeTC TACTTCAtCA	2700
	TTAACTACAA cGTAAyCGTA TAAATTCATC ATTTCrACTT CTkTACGCGC yTCGTTAATA	2760
5	CGACTTTGTA TTTTCTCATC AGATTCTGTT CCTCTACCTA CTAATCGCTC TCTCAAGTGT	2820
	TCTAAACTTG GAGGTGCTAA GAAAATAAAT AGCGCATCTG GAAATTTCTT TCTAACTTGC	2880
10	TTTGACCTT CTACTTCAAT TTCTAAAAAT ACATCATGAC CTtCGTCCAT TGTATCTTTA	2940
	ACATATTGAA CTGGTGTACC ATAATAGTTG CCTACATATT CAGCATATTC TATAAATTGG	3000
	TCATCTTTGA TTAAAGCTTC AAACGCATCC CTAGTTTTAA AAAAGTAATC TACGCCATCA	3060
15	ACTTCACCTT CACGCATTTG ACGTGTGTC ATTGAAATAG AATACTTATA TGATGTACTT	3120
	GGATCTTCAA ATATnCGTnT TCTAACAGTA CCTTTACCTA CTCCAGATGG TCCTGATAAA	3180
	ACGATTAACA ATCCTTTTTT ATTATCCATG CCTTACGACC TCTCTAAGCT AATCTTCTAT	3240
20	TATTTAAATA TGATATCACA TTGTTCTTTA TATTGTATAG CATATTTGAA ATTGCATGCC	3300
	ATAATTTCTA TTAAGTCTAA CAATATCGTT ATATTGCACG ATTAATTTTA ATTAAATAAA	3360
25	TTGAATTGCA AACTTTTAGA TAATGTAAAA TGTATGGCAT AATGTATGGT TCAATAACTA	3420
	TACTGAAAAG TTACAATCAT GTTAAATGA AACGAATGAT ATGAAGAAGG TGGAAGATAA	3480
	ATTATGGCTT ATGATGGCTT ATTTACAAAG AAAATGGTTG AGTCTCTACA ATTTTTAACA	3540
30	ACAGGACGTG TTCACAAAAT CAATCAACCT GATAATGACA CGATACTAAT GGTGTACGT	3600
	CAAAATAGAC AAAACCATCA ATTGTTATTG TCAATCCATC CAACTTTTC AAGATTACAA	3660
	TTGACTACTA AAAAATATGA TAATCCATTT AATCCACCCA TGTTTGCGCG TGTTTTTAGA	3720
35	AAACACTTAG AAGGTGGTAT TATCGAATCG ATTAAGCAA TTGGTAATGA TCGTCGCATT	3780
	GAAATCGATA TAAAGAGTAA AGATGAAATT GGCGATACTA TTTACCGCAC TGTCATCCTT	3840
40	GAGAT <sub>t</sub> TATGG GTAAACATAG TAACTTAATT TTAGTAGATG AAAATCGCAA AATAATTGAA	3900
	GGATTTAAAC ACTTAACACC AAATACGAAT CACTATCGTA CAGTAATGCC AGGATTTAAT	3960
	TATGAAGCAC CACCTACTCA GCACAAAATA AATCCGTATG ATATTACAGG TGCAGAGGTG	4020
45	TTGAAATATA TCGATTTTAA CGCAGGTAAT ATTGCTAAAC AATTATTGAA TCAGTTTGAA	4080
	GGATTTAGCC CTTTAATTAC GAATGAAATC GTTAGTCGTC GTCAATTTAT GACTTCATCA	4140
	ACATTACCAG AAGCATTTGA CGAAGTAATG GCAGAAACCA AGTTACCACC TACTCCTATT	4200
50	TTTCATAAAA ATCATGAAAC AGGTAAAGAG GATTTCTATT TTATAAGTT AAATCAATTT	4260
	AATGATGATA CAGTTACATA CGATTCATTA AATGATTTGC TTGATCGTTT TTATGATGCG	4320
55	CGTGGCGAAC GTGAACGCGT TAAACAACGT GCGAATGATT TAGTTCGATT TGTTC AACAG	4380



ATAAAGATAC TGAACAGTTA TATGGTGAAT TGATCACTGC TAATATATAT CGAATTAAGC 4500  
 AAGGCGATAA AGAAGTGACG GCATTGAATT ATTATACGAA TGAAGAAGTT GTCATTTCCTT 4560  
 5 TAAATCCTAC AAAATCCCCA TCAGCAAATG CTCAATATTA TTATAAACAA TATAAYCGTA 4620  
 TGAAAACGAG AGAmCGTGAA TTACAACATC AAATTCAATT GACGAAAGAC AATATAGATT 4680  
 10 ATTTTTC AAC AATCGAACAA CAATTACATC ATATTTCTGT CCATGACATT GATGAAATTA 4740  
 GAGATGAATT AGCAGAACAA GGCTTTATGA AACAGCGTAA AAATCAAAC T AAGAAAAAGA 4800  
 AAGCGCAGAT TCAATTACAA CATTATGTAT CAACTGATGG CGACGATATA TATGTTGGTA 4860  
 15 AGAATAACAA GCAAAATGAT TATTTAACAA ATAAAAAGC TAAAAAACT CACACATGGT 4920  
 tACACACAAA AGATATTCCT GGTTCACATG TCGTTATATT TAATGATGCA CCAAGTGATA 4980  
 CGACAATCAA GGAAGCGGCT ATGTTAGCAG GATACTTTTC AAAAGCTGGT AATTCTGGAC 5040  
 20 AAATACCTGT TGATTATACA TTAATTAAAA ATGTGCATAA ACCATCaGGT GCAAAGCCTG 5100  
 GGTGTGTAAC ATATGACAAT CAAAAAACTT TGTATGC 5137

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 218:

- (1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 2267 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 30 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 218:

35 GTTTTATCGC AGCAGTAAAG CTATCAATCG GCGGTTCAAT TGATGATGCA TTAGCAGAAA 60  
 TCAnACAATC ATTTTAGTTA AAATTTACTA ATAATGAaAA ATGTAAACCT TTTTCAAATG 120  
 AAAC<sup>-</sup>TTTATa AaAAATATGA TAGTATATAT GTAAATGTTT AATAAAATCT GGAGAAATAG 180  
 40 GAGGACATTG CCATGCAACA CCTTATAAAA AAACATGTAT TGAATGGCGA GTTTGATTTA 240  
 GTACGACAAT TGATGTCCGA AACAGATTTT ATGGAATTTG AAGAAGCATA TATTTCAAGT 300  
 GCGCATGAAG TAGAAAGTAT GATGTTTTAT ACATGTATTT TAGATATGAT TAAGTACGAA 360  
 45 GAATCATCTG AAATGCATGA CTTAGCATT TATTGCTTG TGTATCCACT AAGTGAATAT 420  
 GAAGGTGCTT TGGATTCTGC TTATTATCAT GCAGACGCTT CCATAAACT TACTGACGGC 480  
 50 AAAGAAGTTA AAAGTTTGTT ACAAATGTTA TTATTGCATG CGATACCAAC ACCTGTTATT 540  
 TCAGATAAGA AGGCTTTTGA TATCGCCAAG CAAATTTTAA AATTAGATCC TAATAATAAT 600  
 GTTGCTCGTA ACGTCTTAAA AGACACTGCC AAACGTATGc gACAaCGTTG TTGTTGATAT 660

	AGTTTAAACA TTTGGTTGGG TTGGGCATAT GTTCCAGCCT TTTTAAATAC TTAAAACTA	780
	ACGAAGTATA CTTGTGTGCA CAAATGGTTT TTATACAACA TTTTATAAAT TTATACATTT	840
5	TAATAAAGAA CATACGATAG ATGGTTTAAA CCTTGTTAAC TGAGAAATTT TGATATGTAT	900
	TCTTCGAAAT TTAACATAAT ATACGAAATT CAAGAAGCAC AATAATTAAT CATTTTTCCT	960
10	ATACAAAAGT TCGTATGACT GCATTATAAA AGCATAAATT TATAATTTTT TTAAATGTCA	1020
	TTGAACGTGA TAATGTGAAT GGATTGAGCA ATTTTGAAAA AGTGAAAAAT AACCTATGCG	1080
	ACTTGCAATT AATTTTCAGT ACGTTATAAT GCACACTGTG CAAAATTAAG GAGGTCTATT	1140
15	ATTCACATGA TGATGAATAA AGAAGCAACA AAAATTGGAT TTGCCTACGT CGGCATTGTA	1200
	GTGGGCGCAG gATTTTCAAC TGGACAAGAA GTTATGCAAT TTTTCACTAA ATATGGCTTG	1260
	TGGGCTTATT TAGGTGTTAT TATATCTGGT TTTATTTTAG CTTTATTGG GCGCCAAGTA	1320
20	GCAAAAATTG GTACTGCCTT TGAAGCGACA AATCATGAAT CAACATTACA ATACGTATTC	1380
	GGTGAAAAGT TTAGTAAAGT CTTTGaTTAT ATTTAATCT TCTTCTTATT TGGTATAGCT	1440
	GTAACCATGC tAGCTGGTGC AGGCGCAACA TTTGAAGAAA GTTATAACAT ACCTACATGG	1500
25	CTAGGTGCTT TaATTATGaC ATTAGCGATT TATATTACGT TGckATTAGA CTTTAATAAA	1560
	ATAGTACGTG CACTAGGTAT CGTTACACCA TTTTAAATTG TTTTAGTTGT ATTAATCGCT	1620
30	GGCGTTTATT tATTTAAAGG TCATGtTTCA TTAGCAGAAG TTAACCAAGT AGTGCctGAA	1680
	GCAAGTATTT GGAAGGGAAT CTGGTTTGCT ACAATATATG GTGGATTAGC TTTTCTGTA	1740
	GGTTTTAGTA CCATCGTAGC AATCnGTGGG GATACTGAAA AGCGTACAGT GTCAGGTGCA	1800
35	GGCGCGATGT ATGGTGGTAT TATCTATACT GTATTACTAG CATTGATCAA CTTTGcATTG	1860
	CAAGTGaATA TCCAACATT AAAAATGCCT CAATTCCTAC ATTGACGTTA GCAAATAATA	1920
	TCCATCCTTT AATAGCAACA GTGkTATCTG TTATTATGCT GCGGkTATG TATAATACTA	1980
40	TTCTAGGACT AATGTATTCA TTTGCAGCAC GTTTTACAGA ACCATACAGT AAAAATTATC	2040
	ATATCTTTAT TATTATAATG ATGGTAGCAG GTTATTTATT AAGTTnCGTA GGATTTGCTG	2100
45	AATTAATTAA TAAGTTATAT ACnATTTATG GGATATGTAG GCTTATTnTA TTGTAGTAGC	2160
	TGTAATTATn AAATATTTCC AAACGTAAAA ATGGCGGATA AAAAACATAT TGCTTTAATA	2220
	TCATATGGAG GGGATATCCG AAACTTTACA ATTTGAATCA CTTTGGT	2267

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 219:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 6336 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 219:

5	GTCAATGTAA CCTAATAGTT TATGTCTATC TTGTGTACCA ACTACTACAT CGACACCAGG	60
	AATTTCCATA ATTTTCAGCTG ATGAAGTTTG CGCATAACAA CCTGTTACAC AGATTACAGC	120
	ATCAGGATTT TGTCTTATTG CACGTCTAAT TATTTGACGA CTTTTTTTAT CACCCGTATT	180
10	CGTTACTGTA CAAGTATTAA TAACAAATAC ATCAGCATTG GCTTCAAAGT CAACGCGCTC	240
	ATAGTTTGCT TCTTTAAATA ATTGCCAGAT TGCTTCAGTT TCATAATGGT TTACTTTACA	300
15	ACCTAATGTG TGaACGCAAC TGTGACATA AATATTCACC CCATTAATTC TTTTTCATAA	360
	CTTATTGCAC TTAACGCATA CAATGGCGCA GTTCTGCCC GTAAAATTCT CGGCCCAAGA	420
	CCAACAACCTG TACTAGTATT ACTAAATAAT GAAATTTTCT TTTCTGACAA ACCACCCTCA	480
20	GGaCCAAAA TCATCAACAC TTTATCCTGA GCATTGAATT GTTGTAAGT TTGCTTGAAA	540
	TTGCTTAAC CACCATCTTT TGCTTCCTCT TCATATGCAA TAAGAATATA GTCATAATTA	600
	TCAATAGTAT CACAAATTAA TTTTAAATTC GACTCGAATT GAATAGATGG AATCACTAAA	660
25	CGATAGCTTT GTTCAGCAGC TTCTTTAATT ATTTTTTGCC AACGCTCTAT CTTTTTGGCA	720
	ACTTTTGCTT CGTTTAATTT AACAATTGAA CGTTCCATGC TCACAGCTAT AAATGATGAA	780
	GCACCCAATT CAGTAGCTTT TTGTAGCAAC CACTCATATT TGTCAGCTTT GATTAGTCCA	840
30	CTGCAAATCG TAACATCAAC TGGCAATTCT GTATTAATAT TTTGTTTTTC TTTTAAATCA	900
	ACTTCAATTT TATCACTTGT TATGTCAGCA ATTTACATA AATAAACTGT TTGATCATT	960
35	AAAGTTAAAA TAATTTTACT ACCAACATCA TATCTCATT CATTGTGTTAT ATGATGAATA	1020
	TCTTCTTTTT TTGTAATAAA AAAACGCTGA CTTACATCAG CGTTTTGGnT CTATGAAATA	1080
	ACGTTCGACA TTATTCACCT ACTTTCTGGC CAACAAGACA AACCCAACCG TTGTCATGTT	1140
40	GTTCTGAAAT AATTTTAAAA CCTACACGCT CCATATGTGA CTGTATACCT TCATACTTCT	1200
	CTTTTATAAT ACCAGAAGTA ATAAAATAAC CGCCTTCATT TAGAGTATTA TAAGCATCTT	1260
	CAATCATTTT ATCAATAATA TGCGCTAAAA TATTTGCTAT TACAATATCA AATTTTCTG	1320
45	TTTCGTCTTT CAATAAGTTA CCTGGAACAG CTTCAATTAA CGTTTCACAA TGATTTCTTC	1380
	TGAAGTTTTT TTTAGCTACA CTCACTGCCA TTTCATCAAT ATCCAACGCT TTAATACGTT	1440
50	TTACACCGAT TAGATGACTT GCAATACTTA ATATACCTGA GCCAGTACCA ACATCAATTA	1500
	CTGAATGCTG TGGCAATACA TATGTTTCTA TTGCCTTCAA ACACATACTT GTAGTCGGAT	1560
	GATCACCTGT TCCAAAAGCC ATACCTGGGT CGAGCTCAAT GCAAAGCTCT TCATCCGCTT	1620

55

	GGAAATAGTT TTTCCATTCA TTTTCCCAAT CCGTCTCTGC AATAATTTGC TCACTGAATT	1740
	GAACGTTATG TTGATCAAGT TCATCTAAAT TTAATAACTC ATCTTTAATT TGCTGTCGCA	1800
5	ACTTATCATC ATAAGTCATT TCATTAAAAT AGGCTTTCAA TCTTACTCCC TTATCTGGAT	1860
	AATCCTCTTT TTTCAAAGCG TAAATTTTAC CGTATTTATC TTCTGGTTGG TTAATTAAAT	1920
10	CATCTGAATC TTCTATCACG ACACCATTTG ATCCATGATT TTCAAGTATA TTGGTAGCCA	1980
	ATTCTACTGC TTCATGATTA ATAATAATTG AAAGCTCTGT CCAGTTCATA CTTTATTCTC	2040
	CCTTAAAGAA TCTTTTGTCT CTATCTTTAA AATTGGAAGG TTGTTTATTA ATTTCTTCAC	2100
15	CATTTAATTG GGCAAATTCT TTCATTAGTT CTTTTTGTCT ATCTGTTAAT TTAGTAGGCG	2160
	TTACTACTTT AATATCAACA TATAAATCTC CGTATCCATA GCCATGAACA TTTTTTATAC	2220
	CCTTTTCTTT TAAGCGGAAT TGCTTACCTG TTTGTGTACC AGCAGGGATT GTTAACATAA	2280
20	CTTCATTATT TAATGTTGGT ATTTTATTTT CATCGCCTAA AGCTGCTTGT GGAAGCTAA	2340
	CATTTAATTT GTAATAAATA TCATCACCAT CACGTTTAAA TGTTTCAGAT GGTTTAACTC	2400
	TAAATACTAC GTATAAATCA CCAGCAGGTC CTCCATTAC GCCTGGAGAG CCTTCACCAG	2460
25	CTAATCTAAT TTGTTGTTCA TTGTCGACAC CTTCAGGTAC TTCACTTCT AATTTAACTG	2520
	TTTTATTTTC AGTACCTTTT CCGTGACATG TTGGACAAGC TTCTTCAAAT TCTTGACCAC	2580
30	TTCCATTACA TTTAGGACAA ACTTGTTTCT TACGAACTCT ACCTAAAATT GTGTTTGTGTT	2640
	CTACAGCTAC ATGACCAGCG CCATTACAGT AACTACAAGT CTTTTTACTT GTTCCAGGCT	2700
	TTGCACCATC ACCATGACAT GTTTCGCATG TTACATCTTT ACGGATTGAA ATTTCTTTTG	2760
35	TTGTACCAAA TACCGCTTCT TCAAATGTTA ATGTCATTGT ATACTGAAGA TCATCACCTT	2820
	TTTGCGGTGC ATTTGGATCT CTTTGTCTGC CGCCACCGAA GAAAGAGCTA AAGATATCTT	2880
	CAAAGCCGCC GCCACCGAAG CCACTAAAAC CGCCAAAGTC AGAGCCATTG AATCCTTGTC	2940
40	CACCAAAACC TTGTGGACCA TCATGTCCAA ATTGATCATA GCTTGCGCGT TTATTATCAT	3000
	CACTTAAAAC TTCATAGGCT TCAGAAATTT CTTTAAACTT TTCATCTGCA CCTTCTTCTT	3060
45	TGTTAATATC TGGATGATAT TTTTTCGAAA GCTTTCGATA CGCTTTTTTG ATTTTCTCTT	3120
	TTGAAGCATC CTTACTAATG CCTAAAACCT CATAATAATC TCTTTTGGCC ACAGCTATCT	3180
	CTCCTTTTCT TAATTAACTC ATATAGTTTA ACGTAATATG TCATACTATC CAAATAAAAA	3240
50	GCCAAAGCCA ATGTTCTATT GACTTTGACT TTTCAGATCA TGACAACATT CTAATTGTAT	3300
	TGTTTAATTA TTTTTTGTCT TCGTCTTTTA CTTCTTTAAA TTCAGCATCT TCTACAGTAC	3360
55	TATCATTGTT TTGACCAGCA TTAGCACCTT GTGCTTGTG TTGCTGTTGA GCCGCTTGCT	3420

	TATCTTCTAT	ATCTTGACCT	TCTAAAGCAG	TTTAAAGAGC	GTCTTTTTTC	TCTTCAGCAG	3540
5	ATTTTTTATC	TTCTTCACCG	ATATTTTCGC	CTAAATCAGT	TAAAGTTTTT	TCAACTTGGA	3600
	ATACTAGACT	GTCAGCTTCG	TTTCTTAAGT	CTACTTCTTC	ACGACGTTTT	TTATCTGCTT	3660
	CAGCGTTAAC	TTCAGCATCT	TTTACCATAC	GGTCGATTTT	TTCGTCTGAT	AATGAAGAAC	3720
10	TTGATTGAAT	TGTAATTCTT	TGTTCTTTAT	TTGTACCTAA	GTCTTTTGCA	GTTACATTTA	3780
	CAATACCGTT	TTTATCGATA	TCAAACGTTA	CTTCAATTTG	AGGTTTACCA	CGTTCAGCTG	3840
	GTGGAATATC	AGTCAATTGG	AATCTACCAA	GTGTTTTATT	ATCCGCAGCC	ATTGGACGTT	3900
15	CACCTTGTA	TACGTGTACA	TCTACTGATG	GTTGATTATC	TACTGCTGTT	GAATAGATTT	3960
	GAGATTTAGA	TGTAGGAATC	GTAGTGTTAC	GTTCAATTAA	CGTATTCATA	CGTCCACCTA	4020
	AAATTTCAAT	ACCTAAAGAT	AGTGGTGTTA	CGTCTAATAA	TACTACGTCT	TTAACGTCAC	4080
20	CTGTGATAAC	GCCACCTTGG	ATTGCAGCTC	CCATTGCCAC	TACTTCGTCC	GGGTTTACTC	4140
	CTTTGTTAGG	CTCTTTACCG	ATTTCTTTTT	TGACAGCTTC	TTGTACTGCT	GGAATACGAG	4200
	TTGATCCACC	AACTAAGATA	ACTTCATCGA	TATCTGAGTT	TGTTAAGCCA	GCGTCTTTCA	4260
25	TTGCTTGCG	TGTAGGTTCC	ATTGTTCTTC	TAATTAATGA	ATCTGATAAT	TCTTCAAATT	4320
	TAGAACGAGT	TAAGTTTACT	TCTAAGTGTA	ATGGACCGTT	TTCACCAGCT	GAGATAAATG	4380
30	GTAATGAGAT	TTGAGTTTGT	GATACACCTG	ATAAGTCTTT	TTTAGCTTTT	TCAGCAGCAT	4440
	CTTTCAAACG	TTGTAATGCC	ATTTTATCTT	GAGATAAGTC	TACGCCATTT	TCTTTTTTGA	4500
	ATTCTGCAAC	TAGGTAGTCA	ATAAFTACTT	GGTCAAAATC	ATCACCGCCA	AGTTTGTTGT	4560
35	CACCGGCTGT	TGATAGTACT	TCGAATACAC	CGTCACCTAA	TTCTAGGATA	GATACGTCAA	4620
	ATGTACCGCC	ACCTAAGTCA	AAAACAAGAA	CTTTTTCATC	TTTATCAGTT	TTGTCTAAAC	4680
	CATATGCTAA	TGCTGCAGCT	GTTGGTTCAT	TAATGATACG	CTCAACTTCT	AAACCAGCAA	4740
40	TTTTACCAGC	ATCTTTAGTT	GCTTGACGTT	CAGCATCGTT	AAAGTATGCA	GGTACTGTAA	4800
	TTACAGCTTT	GTCAACTTTC	TCACCTAAaA	TAgTTTCAGC	TGTATTTTTT	AAGTTTTGTA	4860
45	AAATCATAGC	TGAGATTTCT	TGTGGTGTGT	ATGATTTACC	TTCAATATCT	ACTTTATAAT	4920
	CAGTACCCAT	ATGACGTTTA	ATAGATTGAA	CAGTGTTTGG	GTTTGTAATA	GCTTGACGTT	4980
	TTGCTACTTC	aCCAAC TTGA	GTTTCTCCAT	TTTTGAAAGC	TACAACAGAT	GGTGTGTGAC	5040
50	GTGAACcTTC	AGGGTTTTGA	ATTACTTTTG	GCTCATCGCC	TTCTAATAcT	GtnACACATG	5100
	AATTTGTTGT	ACCTAAGTCT	ATACCAATAA	TTTTACTCAT	AATAAAATTC	CTCCATTTAA	5160
55	TCATTAAATT	AATTTAATTT	TAAACAATGT	CTTTTCGCCA	AATTTAAGTT	ATTGGTTTAC	5220



AGTGATTTCG CCAGATTCAA AATCAGGGTT ATCATCTTGA ACTACAGCTT GGTGAATATT 5340  
 TGGATCAAAT GCTTCACCTT CAGTTTTAAT AACTTCAAGA CCATTATCTT TTAGTGCGTT 5400  
 5 AATCAAACCTT TCATGCACCA TTTGTACACC TTTTGAAGA GATTTAAAAG TCTCATCATC 5460  
 ACCTTCAATT TGAAGTGCAC GTTCTATATT GTCTATTGCT GGTAATAATAT CTGTTAACAC 5520  
 10 ACGTTGTGCT TGATATGTTT TGTTTATTTT ATTTTCTTTT TGAATTCTAC GCTTATAATT 5580  
 TTCAAACCTCA GCGTAGAGCC TTAAATATTT CTCTTCGTTT TCATCTGCTA ATTGTTGAAG 5640  
 TTCATTAATT TTTTGATCTT TTGGATCTAT TTCTTCAATA ACATTCTCGT CAGACGTTTC 5700  
 15 TTCTATTGCT TCATCTTGTA AATGACCTTT ACTTTCTTCA GCTTGTTCAA CTGAATCATC 5760  
 AATATTTTGT TTGACGTTTG TTTCTTCAAC TGTGATTCA GTGTTTTTTT CAACTGATTC 5820  
 GTCTTTATTT GTCATTTTCT GTCCTCCAAT ACTTTCTAAT CCATCATTAC CAAATTCTAT 5880  
 20 TTAATAATTG AATGACATTT TGATAATGCA TAGCTGTAGG TCCAATCACA GCGATTGAC 5940  
 CTTTAAACGT TTCATCAAAA TGATATTGAC TTGTTACAAT TGAAATATCA CTTAAGCTGT 6000  
 CATCAATTTC ATTACCAATT TTTACATTAA TATTTGGTGA AGATATATCT TGTAATAATT 6060  
 25 CTGCAATTCT ATTTGATTCT ATATATTGTA GAATGGGCTG AATTGAAGAT ACATTACTTT 6120  
 CATTCAATGC ATCAATAAGT TTAACCTTTC CACCCATATA AATGCTATTA CTTTGATTAG 6180  
 30 AAATATGATT ATTCATCGTA TTTAACAATT TATTGATAAA AATTTCTTCC TGCTCTGATT 6240  
 GAACAAAAGA GACAATATCA TCTTGTAAT TCTGATTAA CTCAGTTAGT TTGTTTGTA 6300  
 CAAAATTTGA TATTGTATTT AGTTTGTCAT TATTAA 6336

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 220:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 13059 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 40 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 220:

TTCATGATTA TTATCTGTTG TAGACACTGC TGGATCTTCC GATGTATCTT TCGATGCATC 60  
 TTTCGATTG TGTATTTGCT GATTCAAATG GTCTAGGTCT TCTAACGCCT TATTTACCAT 120  
 50 TGCTTCATCA TTTTATCAT CTTTTTCTCC ATGTTTTGTT GTAGCCGTTT GTGACATATC 180  
 ATTTTTCATT GCATTAAGAT CGTCCTCGCC ACTTTGTTGA CCCCTATCAA CATTTGAAGA 240  
 AACCTCATTT AAATCTTTAA GCAATTGATC TAATTTACTG TCTATATCAC TTTGACCGTT 300

55

	TTCATCTATT TGCGATGCTG TTTTCGCTTC ATTTAGTTGT GCTTTATAAT GTTCTTTAGA	420
5	TGAAGCCGAT AACTGTTTTA ATTGCTCAAT TTGACGAATT GCCTTGTCAA CTTTGTCTAA	480
	TAAATCTTGC TTAGATAATA TCTCTTTTGT AATTTTCAGTA TCCTTTTCAG ATGCAGCTTG	540
	GGCATCGTAC GGCAAGATAT TCGTTAAAT GATACTTGTC GCCATCATTG TCGAACACGA	600
10	TAACTTTACA TATAATTGAA ACGGTTTCCC TCGATATTTA GCCATCAACA TACTCCTTCC	660
	TCACTTACTT CCTTCAAAGA ATTACATACT ATTATATACC TGTTTACAAG AAATTTACAC	720
	TTATCTATCT AGTTATTGTT GTTAGTAATT ATCTACTTAT TACTTAGCTT ATATTTAAGT	780
15	AAACAAAACA AGCATGACGT AATATCATAT TGTCCATGTC GCTAACATCA TATTACGTCA	840
	AATCTTTTAT ATTAAATGAT GTTTTATTTT AGACTGCTTT TTCCTTTTAG CTTTCGAGCG	900
	CCTGTTTAAA AACTTGCTCG AATTGTTTAC GCGAGATTTC GTGTGCATGT GCTTTTTGTG	960
20	CTAATAAAGC ATCTCGAAAC TGTGTGTGAT CTTTCAAACCT TTCTAACATT TGTATTAATT	1020
	GGTCTTTACT TTCCATTGTT ATCTCATCAT TATGCTCAAA TAAGTGCTCT GATAATGTTA	1080
25	CTTTAGCATG GTGTGCGGTT TGACGATAAC CTAAAATCAA CAACTCATAG TCAAACGCTT	1140
	GTTCCACCGC ATTTAAAATT TCATTACCCT CATTGATATC AAGATAAATA TCACATAACT	1200
	GGTATAGTTC ATTTACCCTG TCAATATTAA TAGATGGGTA TAAATGCACA TTAGCATATT	1260
30	GATCAAGTTG CATTAGCTTA TCAGACATCT CTGTAATAGC AGCGATGTGn AACTTAAAAT	1320
	CTGGTAAAGt TyCAACCAAT ACCTTGATGT TACGAatTGa TCCgAGTTAG TTAATATTAC	1380
	AATTTCTTTA GTATATCTAT TACGACTACG ATAGTTATAT AGATATCCGC CTTGTAAAAT	1440
35	ACGAGATTGA ACCTTTGCGT CTGCTATATT GAGCATCGTT TCATATTCGT TTTTATCTGG	1500
	AATAATAATA TTACAATGTC GTTTCATATC ACCTTTACAC ATCAATTGCA TATTTCCCGG	1560
	GACATTACCA TTACAGTGTT CTTGCCATAC CAAAACATCA CTACCTTTTG ATGGCAAATT	1620
40	ATATAACACT GAAAATGGTA GGGCTAGTGA GTTAATAACG AAATGATGTT CCGTAATTTT	1680
	AAGTTGCTTG ATAAAAAATA ATGCGAATGC GAGCTTTGAA GGGAAAAAGT AAGACTTCCC	1740
45	TTGCCAATCC AATATGACAT CAGATGTTAC AAAATTTTCA TAAATCACTT CTTTACCTTC	1800
	TGCTGTCATA TATTTCTTCA AGATCGCTTT ACGATTTAAA TCGTAAACAG TTTGTGCAAA	1860
	TTTAATACCA TTCTTAGAAT AATAATCGAC AAATCGGACA CGTTGTTGGT CATCAAACCA	1920
50	TTCGACACGA CTAACAATTC TAGGGCGCTC TCCACTTTGA yAAAATATTT TACCTCGyAG	1980
	ACGTCCCATA TCATTaATTG TAGCCGAATT GTTGTTACCT TTAATTTCCC AAAAAGCTGG	2040
55	TACAGTAACC TGATTAAAAA ATCGTGGTTT CATATTTTCT GTATTATGAT TATCTGCAAA	2100

	TAAATCTTCT	TCCAACCTTAC	TGGCTTTAAA	AGACTCATAT	AACTTTCGTG	AATGATCGTT	2220
5	AAAGTAATCA	AATAATTTAA	TCATGTAGCA	CCTCTTGaAC	TAATGTTTCC	CATTTTAAAA	2280
	TAATATCTTG	AGTCATAAAT	TGCTGTGCCA	CTTCATAAGA	GATGTCATGT	GGTGTCTGGG	2340
	GACCATTGTT	AAAATACATT	ACAATGGcAT	GAGCTAGTTT	TGCGATAACA	TCATCCACAC	2400
10	TATCTTCGTC	GGTATCAAAA	GGTACCAAGT	AGCCATTTTC	CCCATCTCGA	ATAAAGGTTG	2460
	GGTTACCATA	ATTCACATTT	AATCCAATCA	TACCTAGTCC	TGAGCCTACC	GCTTCCATTA	2520
	GTGTTAACCC	AAAACCTTCG	CTAGTTGATG	CAGAAAGAAA	TAAGTCATAA	TCATTATAAA	2580
15	TTTCATCAAG	TTTAACATGC	CCTAGTAAAC	GAATATAATC	TTGTGCGCGG	TGTGTATCAA	2640
	TAATTTTACG	CAGTCGCGTC	TTCTCGCTAC	CTTCTCCATA	AATATCAAAT	GTTAATTCTG	2700
	GCACTTGTCG	TTTAGCCACG	ATAACCGCTT	TGACAAGCCA	ATCAATATGT	TTCTCATTCG	2760
20	CTAAACGAGA	TGCACTAATC	ATCGCATATG	GCTTTCTTGA	TAATGTTGGA	TATGATAATG	2820
	CATCAATGCT	TCCCACAGGA	ATAGTATAAA	CACGTGGGCG	ATAACCTTGA	TATTGCTCAA	2880
25	ATTGTCGACA	AACCATATGA	TTTTGAATAT	CTGTTGCTGT	AATAAAGAAA	TCAATGTATT	2940
	TAGCTTTTGA	AAATTGATAT	TCATAATAAT	TGTTCCATAG	TATATGCTGC	TCACTCATCA	3000
	TATTATTACT	ATAATGATCA	GCATGAATCA	CAACACCAAC	TTTACTATCA	CCTTTATGCT	3060
30	GCAAAACAGC	CTGACCAATA	TCAGAAGCGC	GGTCTAATAT	GACAATATCG	TCTCGGGTTA	3120
	AATTCAATCG	TTGTAAAAAG	TATGCAATAA	ATTCCGTTTT	GTTATACAAC	ACCGCATCTT	3180
	CAAACACATA	TATAGAGCTG	TCTCCATCAA	TATATTCGTT	ATAAGCGATG	GAACCATCTT	3240
35	GATTATAAAA	TTGTCGCATA	TATAATTTCT	CTTTATTATC	AGCTGGTGCA	TAATACTCAG	3300
	AAAATATGCG	CGTATAACTA	TAAAAATCTT	TACGTACTAA	CATACTATTA	ATTACAAATT	3360
	CTGCACGATC	CACAATATCT	TTTTGTTTCAT	TTTGCAGATA	ACATGTTACA	AATGATGATT	3420
40	TCCCATTAAA	ATATAGGCGG	ACTATCTTAC	CATTTCTTTC	TCTAAAACTA	ATGTCATGAC	3480
	CAAGCTCACG	TTCAATGTCA	TCTAACGTGT	ACGTTGTTGG	TGCTAAAGAA	ATATCACTAA	3540
45	AATACTGATA	CAACCAAATA	ACTTCTTGAT	CTTTAAACCC	AATGTTTTGC	GTTAATGTCT	3600
	GTATGTTCTC	TGACTGTATA	AAATCTAAAA	ACACAAATTT	AGTGTCTTGA	TTGTACGTC	3660
	TCAATAATTT	AGCACGGTAA	GCTTGTGCAT	ATTCAACACC	GCTACTCGCC	CAGCCTATAC	3720
50	CAAAGTTTAT	ATTATATATT	GTCATGCGCT	ACCCCTTTTC	ATTTATGGAA	AATGTATAAC	3780
	TGGCATACCC	TCTTTATCAA	ATGTAATCAT	GCTTTGACAA	ATATTTTTCa	CCATTCTTTT	3840
55	TTTGATATTT	CGTGTCAATA	CTTCAAATGA	ATCTAAGGCA	ACTCTATGGT	ATTCAAAAAT	3900

	GACTTGTTCT AACCAACATG AATCAATTGC TTTCAAAAAG ACTTTTTTGAA CGAAAATATT	4020
5	ATAATAATAT GCACTTTGCA TGTTTTTACG ATTCAAAGCT AATTGCTTTT CAAATTGCTC	4080
	TAATAAAAAAT GTCACTACTG CTTGCTTATC TTAAAAATTA ACACAAGCCA CATCTTTATT	4140
	AAATTGGAAA CTTAAATTTT GATAAATATA CTCGACAACA CGCGATTTTG TTAGCACCTT	4200
10	TTCCTCATTT ACAACATTT CAAATACATC TTTAGCTAAC GCTTTAAAAAT CTTGATTCTC	4260
	AGCATCATCT ATTTCTAAAA CTCGATTGCG TTCCTCGTAT ACAAGATCTC GCTGTATACT	4320
	AATGCTTTTT TCAAATTCAT TAGCCATTC ACGAGCTTTA ACCCCTTGTT CTTCCGAGAT	4380
15	aCGcTGCGCT TTAActACAA TTTGCTTAAC TTTGCGATTA AACAAATTAC TTTGCGATAA	4440
	TCGTTGTGCA TCTAATGAAT ATAATTGATT ATTTTCCGCT AAATTACTAT CGCTCCATCG	4500
	CTTAActAAA TAATCATCTA GTGAAATATA TATACAAGAT GATCCCGGAT CCCCTTGTCT	4560
20	ACCAGAACGA CCACGTAATT GCCTGTCTAC ACGGCTATTT TCCATATGTT CATGAATAAT	4620
	AACAGCTAAT CCACCTAATG CTTGACACC TTCACCAAGT TTAATATCTG TGCCTCGACC	4680
25	TGCCATACTA GTCGCAACAG TCATGGAACC AATTGCCCCT GCTTCAGCTA TCATCTGCGC	4740
	TTCTTTTGCA ACATTTTGCG CAATGAGTAA ATTATTAGGA ATATCCATTT GGAATAATAC	4800
	TTTCGAAAAG TATTCAGCCG CTTGAGCAGT TCTCGTTATG AGTAAAACCG GTCGCCCCGT	4860
30	TTCATGAAGT TCAACTATAT CATGAATCAT CGCGATGTTT TTCTCATCAA CTGAACGAAA	4920
	CACTTTATCT GGTTCATCGA TACGTTGAAT CGCTTTATCA GTTGGTACTT GTACGACTAT	4980
	TTTTGAATAC AAATCAAAGA ACTCTGATTC GCCTAATTTT CCTGTAGCTG TCATACCTGA	5040
35	AAATGATTCA AAAAGTTTAA ATAAATTCTG GAAGGTAATT GTTGCCATAA CACTTTTATC	5100
	TGTTGAAACC TCCATACCTT CTTTCGCTTC AATAGCTTGG TGAAGTCCAG CTTGCAACTT	5160
40	AGTTCCCGGT AACATACGAC CTGTAATACG GTCAATTAAA ACAATATCAC CATTATATAC	5220
	AAAGTAATCG ACATTAGATT CAAACAAATA TTGTGCGCGC AGTGCTAAAT TAATATTACG	5280
	CACTAGGACC ATCGCTTGTT CGCTATATAA ATCTTCAACA TTAAAGTATG ATTGTGCCGC	5340
45	TTCAATACCT TGATTTAACA GCCATATTTT TTTTTGGTC TTCTTCATTT TAAAATGCAC	5400
	GTCTTCAATC AATGTATCTA CAAACTCTTT CACAATATGA AATAGATTG ATTGTAATCT	5460
	TGGTGACCCC GAAATAACTA ATGGTGTTTG AGCAGCATCT AAAATGATTG AATCCACTTC	5520
50	ATCAATAATA CCGTAATTTA ATTGTGGTAA AAATTTCCCT TCCGCACTAT CAGCCAAATT	5580
	ATCAATTAAA TAATCAAAAC CGAGACGTCC ATTAGTTGTA TATATAATAT CATGTTTATA	5640
55	TATATTACGT TTTTCCCCTT TTTGATACTC ATAATCCACA ATATCAACAA AACCTAATGA	5700

	TAATCATTCTG TTGTAATTAA ATATGTTCTT TTTCCCGAAA GAGCATTTAA ATATAAAGGC	5820
	ATCGTTGCCG TTAATGTTTT ACCTTCGCCT GTTTGCATCT CCGCAATGTT ACCTTCATGC	5880
5	AATACAATCG CTCCGATTAA CTGAACTTCT TTAGGATACA TACCTAATAC TCTCCAGCTC	5940
	GCTTCACGTG CCACTGCATA AGCTTCAGGT AACAAATGTAT CTAGTGTATC AACTCCTGAT	6000
	GCTAAACGTT CTTTAAATTC TATTGTCTTT TGTTTTAACG CATCATCAGA ATATGATTTA	6060
10	ACTTCATCGC TCCATGTATT GaTGsGTTcA CTATTTTCTT AATCGACTTT AGTCTTAATT	6120
	CGTTTATCGT AACATCTAGT TTATGTTTCA TTTACTTCCC CACCATTCTAG TTTCGATACA	6180
15	TCTAAGTAAT CTAAAAATCG TACTGGATTC ATTAAACGTG ACATATAATT TAGATGTTTG	6240
	TCTTGCTCTT CTTTAAAATA AACCTCGACA TTTGTATCTT TTAGTTCATG ATTTCTGTTG	6300
	ACATGTTCTG TAAGCCATCC TTTTAAATCA TCATCTTCAT GGCTTGTTACG ATACACTTTG	6360
20	CAACCCAAAT GCTGAGCGAC ATAAGTTGCA AAAACATTG ACTTTGACCC ATAACTAATC	6420
	AAATTAATAG CCTTTAGGGT ATCTTGACTT TGCAAATCAT TCTTTAGTTG CTTAATATTT	6480
	CCCTCGATAT TGTCGTCCAT CCAACGTTCA ACGAGCCAAA CATGACCAA CAGTTTCAA	6540
25	AAATCATTCTG AAATAGTTGG ATAGGTGTCA GATGGTTCTG CAATAATGAC ATTGATCATA	6600
	TCATTTCCAT ATTGGTCATC GCCTATCTTC GTCACCCGCA TGCTTTTATA CTCTAAATCA	6660
	TATTGATGCG TCATCTCTGT GATTGTTAAA CATCTAAATA TAAGACTCGT CGATGCTGCA	6720
30	TTTCATCATT TTATTTTATA AGCATAGGCK TCATCAGGAT ATTGAATCGT AATACTATTT	6780
	GACTTTACAA TCTCAGTACT TAGTTTTGTG CCATTTTTAT TATAAAAAAT GATGATAAAA	6840
35	TACACTGAAC CAGCAGGCGT TGCATCAAAA TCAAATGCA ATTTATAATG CTGTCCTCTA	6900
	CGCAAATG GkAAACTTGG CGcACTTTTA TATTTTGAAA ATTGCTTTAA CATCAACCAC	6960
	TCATGAATCG GTAATCCAGA GGGCATCAAA GGATTTATAA AAGTCACTTC ACCATTTGAA	7020
40	AATGATACTT TAGAGCCATA CATAAATGTA GTTGTGAAA TATAATTCCA AGTAACTTTA	7080
	AATGTTTTGT TTTTCAGCAT GTTGAACCTC CCCAACTTG TCTTCCAAA TAATGTTGTA	7140
	AAAATTAACA AACCAACTTG CAATGGTAGG TGAATCATCA TTATGTCGCC CAGGAATACT	7200
45	GCGATTCATC ACTCTTGCTT GGTGTGCTGT CAATACAGGT AATAGCTCTT GAAATGCATG	7260
	TGGATCATAA TCATCATGTT GCATATATGC TATGGCAAAA ACAGTTTGTG ACAATGATTy	7320
	CTTTTGAAAT GTTTGCCAAA ATTTTGTGATT TAATGCCTGT ATCGACGCTT GAGATGTATC	7380
50	ACCTTCATTA GACACCAGGA CGTCTAATGC TGTACCGAAC TCTTCTGGTC TAAGTAATCG	7440
	CATATGTTCA GCAATCGTTC CAATATTAAC AAGTGGTTTA CCAACAATAA TTGCCTGAGG	7500

55



	TAATTCATGT GATTTAAAAT TCAGCTTTTC TAATGTCTCG TCAATAACAT TGATAATACC	7620
	TTGTTTCATAT TCAGATGAAC CGATATAAAA ACTACCACCT TCAACACGAG GATCGCCGAT	7680
5	AAGTAAAAAC GGTGCATTCA TACGTTTCAT CATATAATAT CCTTCGAAAC CTTCCGCTGT	7740
	TCGATAACCA CTAATAATATA CGTTTAGTGG CGGTTTCATA TCACCAGGGT GGAAATAATA	7800
	AATAAATTCC TGTCGTTGAC TATCTACGAA ACGACTACCA CCAAGTAAAA ATTGACCCAT	7860
10	GTCTAATCTA GACCATCGTT TGTGTATAGG TCCTAAATGT ACCGTCCCGT TCCCACGCGC	7920
	CTTAACAGTT ACACTTATAT AAGCATCAAA TGGTTTCGCA GGTATCTCTA AAGGACTGTC	7980
	TAACATATCA TCAGTCAATA CGATTTGTTC AATTAATGCA CCATCAGCGC CAGTCTGAAT	8040
15	CAATCTAAAT GTATATTGCA ACTCGACCGC ACCATCAATA TCAAATTCTG GCCATATTTG	8100
	AATGACTTTA TCTTTATCGT AAACGAGATT ATTTTGCCAA GATGCGATAG GTTTAAATTC	8160
20	TTTCCCAAAT TCTCCACTCA ATGTGAGCTC TGAATTACCT TGGTAAACGA CATCTCCTTT	8220
	AAAATTCGGA TGCACAAGTG CTAACCTAGG AGAAACCTTA TCTCCATACT GTCCTGAGAA	8280
	GCTAACTGCC TCTAATTTAT TATTACGTTT TTCAATATTC CGGTAATGTA ATGGTTGAAC	8340
25	AACGTATTTT TGGACATTTT CGTCTTGTTT ATATTCAACT GACCAAAATG ATTCATCAAC	8400
	ATACGTATTG TATGGTTCGC TTATCATTTG TAATAAATTC GTTAATGTCT CCGAGTATGG	8460
	TGCTTGAATA TAGATAAAAT CAAAGCGCCC TTCTGCTTCA ACAATCGCTT CAATAGCCTC	8520
30	TACATAACCA CTATCAAATT CAAACAATCC AATATCGAAG TAATCCCAAC TCACACCTTT	8580
	TTTGTGTTGA AAAATAGGTT CTAAATCGTC TCCTCCAATT TGCAAAACTC TAAATTTACG	8640
35	TGGCATCATT TTCACCTTCT ATTAACATCAT CGAGCTGATT AATAATATTC TTAGAAGCAT	8700
	ATGCATCTAT TAATTTTAAA GAATAGGCGT ACGCATAATT CCAATTTTTC AAATAAAATA	8760
	AATAATAATT TAACGCATCA TCTAATTCAT CAACTGTATT TATAATACGG CCATTGTCAT	8820
40	AATCAGAGAC GTAATCTGTT TGTTGACCAT TAATTTGTGG AATCCCAGCG CTAATTGCAC	8880
	TAATTTGTAA ATACAAGTCA GGTTCCTTTG ACATATCTAT CACAAGTCGC AACGTCCGCA	8940
	ATGCTTCTAC AACATCATGT TCAGCATGTA TCGTCTTAAC AGCAATGATG TCATCTTGAT	9000
45	CTTCAGGTGT CATTAATGCT GAAACATTAA CATCCGCATT CTGTTTAGCT TGGTATTCCT	9060
	CATTTACCGA CGTAATACAT TCACGAAGCC ACATCGGTAT GTCATTTTGA TGGCGCGATA	9120
	ATAAAATTAA ACGGTAATAA TCTTCCTGTG CGATATAATC CACAAGTCGT TGCATCATTT	9180
50	GTTGCAAATC AGCGTCACTC ATACCATCTA TCCATACACC TATAAATGTT TCCATCAATT	9240
	GACTACTTAT ATTAGGTGAT TGTCTCGTTT CAAATGGTGT GATTCGAATC ATTGTATTCT	9300

55

	TTAAATGGGC ATTCTTTACG ATAGATTGAT ATTCCTCATC TGACACAGTT TCATTTCTAT	9420
	TTTTAAAAA TGAATAACTT AATGATTTCG CTGGAATATG ATTGGCTATT TGTCGATTGT	9480
5	GCCTAGCATC TGAAGCCACA ATCACATGAT CATCTTCATG TATTTGTTGT GCAATCATTG	9540
	CTTGAAATTT TTCTTCAATT AGTTGAGCCA TATTGTTATA TTCTGTTTGT TGATAGTGAT	9600
	GTTGATATCT TTTTGAAACA GTGACTCTGC CATTTTTCAA ATCTTCATGA AGTACACAAT	9660
10	CTCCATTAAT CGTTAAATAT TCTTGGTAAG AAGCCTCTCC CTGATCATCA AAATAACGTA	9720
	TCGCTGATAA ATAACCTCTG TCATCAAAAA TATAACGCCG TTGTAAGTGA TCTCTTTCAA	9780
	ATTCTTCAA CCAAATTGAA TACCCTTCTT GACTAAAATA AATATTTGTA TAGGTCTGTT	9840
15	CACTCGTCAC ACATTTTAAT AAATACGGTG TGTACACAAA CTCAACATCA TCCGGCCATT	9900
	TTAAGTGATG ATAATTAATC GCTTGTGGCG CATGGTGACT GAATCCTTGA ATTTTCATCAA	9960
20	ACACAGACGA ATACTTTGTC TCATATAAGT CATATCGATG TAAAAATGTT CTTAAATTG	10020
	GTGCATGATT GAGAACAATC AGTTGATAAT CTAAGTCATT TTCAAGGTGC ATTCCCATTA	10080
	AACTAATCAT ATCGTCAAAT TCCGTCTTAT TTTGTAGTTG ATAATACGGC ACAGTCGTGT	10140
25	CTTGCCACCA TCGTTGGTCA TCGTACCAAG CTGGAATAAA GTATTTTATA ATTACCTCCT	10200
	TACCAATACT GGTTTAAAAA TGGCTTATAT TTATCAAAAT ATAAATATGT ACGAATTGTT	10260
	TCTGCAATAT TAATACTGAT GTAAACTAAT ACAATCAGTT GTACTGAGAA ATAAATTTCA	10320
30	GTAGATAAAT GCGGTACAAA CAATGTGAAA TAAAGCGGTA TACCAATAAT GACTGTAACT	10380
	AATGCCAATC CAAACCAACA TACGCGTCGT GCTTGATAAT TTAAATAACG TTCTGTATCC	10440
35	TTACCAGGTT TAACTCCTGA AAAATAATTG CCACTCTTTA AGAAATCTTT GGATTTTTGT	10500
	TTAGTATTGA TTAAAAATCT CGATAAAAAA TAACCCAATA ACATTTGAAT CACTAAATAT	10560
	ACTGAAATAC CTACTGGACT ATCAAATGTC AGCATTGGCA TGTATCTGA TATGCTTTTA	10620
40	TTAAACATAG ATAAATAAAA ATGAATGCCA CTTTTTAAGA AAACAAAAGC TGAAATACTC	10680
	ATCATTAAAG TAATACTGCC TGCAGGGTTA ACTTTCCAAG ATAAATAAGA TTTCATATTT	10740
	GTTGCGGAAA CGTTCATTAA ATCGATATAT GGTATTCTCA CTTCTACTAA TTCAATAAAT	10800
45	AATAAGATAA ACAATGTGAT TATCACAAGG ATGATTAACA ACGCAATCAC AATATGACTT	10860
	GCATCTATAT ATTCCATTTT TTGATGCATC ATTGATTTAA TAATACTAAC CATTACAATC	10920
	GGCATTGGTC CTGCGATGCC GTAGCGACTA TTTTGTGTCAG CTAACCAAAC TAATAACATC	10980
50	GTTCCAGTAA CCAAATCAA TATTGTTAAG TAAATATTGT CTTGATGAAC ACGTTCTTTC	11040
	GAAACATATT CATGAATCAC AAAATAACTT TGAATAACAC TTAAATTAAT TGTTAAGATG	11100

55

	GAAATCAGCA TCAAGATAAT CATTGATGTT AACCACGGAC CTAATCCTAA AGTGAAAATG	11220
	TTTAAAGTAT TAACGTCTCC ACCCATATTA GAAATAGCTA TTTTAAAAAA TGAATCATGT	11280
5	TTTACTTGCA TATCGTTaTA GGAAACGATG GAAATGTTTG TGCCTAATAT ATAAATAaAC	11340
	AAGATAAAAC ATGTGTATAG CATACGTTTA TATATAATTT TATATTCGTA TTGTTGTAAA	11400
	AGTTTTAACA TGTTGCACCT CTTTTATATC AAAAACATTA AAAAGACTAA GGGTTCATCA	11460
10	CTAATTATTA AAATCCTATA TCGATTTTTC TAGTGATTGG TGCCTCAGTC TTTTAAATTT	11520
	TAGCCAGCTA TAAATTCAAT TTATGCTTGA GAATCATCTT GATCATTTTC ATCTTTCTTT	11580
15	TTCTTTCTCT TCATTAAACC TAAACCAACT AATAATGTCA TAACGCCACC TAGTAATCCA	11640
	TTTTGTTTTA TTGAGTCACC TGTATCTGGC AATCTTTTTT CACTTTGTGC TGGTGTGCCA	11700
	TTATGTTTAG TCACTTCAGA TGTTGCACTT AATGTAGACT GAGATTCACT CGTGCTCGTT	11760
20	GTTGCTTCAC TTGATAAGCG AGATGTGCTC GTGCTGTGAG TATGATGCAT ACTCATTGAG	11820
	TCTGACGGAT GCATTGAGTT AGATTCAGAT GTACTTGTTG AGCCGGACAT ACTTGTTGAT	11880
	GTTGAGTCAG AAATGCTTTG TGAACCAGAC ATAGATGTAC TCAGTGATTC GGATGTGCTT	11940
25	GTCGAATCGG ATGTGCTCAA TGACGTTGAT GTGCTTGTTG ACACTGATTC TGAGTCACTA	12000
	ATTGATGTTG AGTCGGATTT GTCTTGTTGAC ATTGAAACAC TCGATGAATT AGATTCACTC	12060
	ATTGATGTTG AGTCAGATAC GCTCGTTGAA CCTGAACCAG ACGTACTTAA TGATTCAGAT	12120
30	ATGCTTGTTG AAGTTGAACC ACTTGTTGAG TCCGATGTAC TTGTCGATGT CGAGTCTGAA	12180
	TCTGATGTAC TCAATGATTC TGAGTCACTG ATAGAAGTTG AATCACTTGT AGATTCTGAT	12240
35	TCTACTGTAC TTTGTGAACC ACTGATACTT ATTGAAGTAG AATCACTGAT ACTGTCTGAT	12300
	GTTGATAATG ATGTCGACAC CGATGTGCTT TGTGATGACG ATGTACTAGC ACTCATTGAC	12360
	ATTGATGTTG ATATCGATGT ACTTAAGGAA CCAGATGCAC TTGTACTTGT TGAATGGCTT	12420
40	TGTGACATTG AATCACTTAA TGATGTAGAT GTGCTTGTTG AGCTCGAGTC ACTTACACTT	12480
	GTTGAACCTG ATATTGAGTC ACTTAAACTT GTCGATGTTG AACTGatwC GcTTCCGCTC	12540
	ATTGAGTCAG ATGTTGAAAG TGATGTACTC GTTGAATTTG ATCCACTGAT GCTAGACGAA	12600
45	TCACTTGTAG ACATTGAGTC GCTTTCTGAT GCACTGATGC TCATAGAGTC AAATTGACTA	12660
	TTACTTGTTG AGCTTGACTG CGAATCGCTC ACACTTGTTG ACGTTGATTC TGATCCACTC	12720
	ATACTTTGCG AGCTACTCAA TGATTTTGAA TCACTTAATG AATCCGAAGT GCTAAGACTT	12780
50	GTGGAACCAC TTAAAGATAT TGATCCACTT AATGAGTCGG AGTCACTTGT ACTAGTAGAA	12840
	TCACTCATTG ATATTGAATC ACTTAGcGAG GTAGACTyGc tTACGCTTTC TGAACCACTT	12900
55		

TTTGAATCAC TTAATGAATC AGATTCACCTC ACGCTTTCTG AACTTCTTAG TGACGTCGAT 13020  
 ACACTTAATG ATGACGAATC GCTTGTGCTT ACTGAATCG 13059

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 221:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 10758 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 221:

AGGGATGGCC TTACCTAAAA AACCGGGnAA ACCCTCCAAA ACCCATTA AAA AGGnTGGnTA 60  
 CCCTTTAAAA TGGTAGCATT TAACCGCCAC CCGCCAAGGT GGGTGGTTTA TTCTTCCGTT 120  
 ATTTAAATTA GTACACCATG CAGATTCTGT AGTTGAGGGA TATTTTAACG AAAGCTTATT 180  
 AGCAACTGAT AAAAAAATAC GTCCTAAGGC ATATATTGCT TCATGGAAGG ACATCGAGCC 240  
 GGCTAAGAAA ATAGAATTTA AAATTAAAAA AGGTATTAAA TGGCATGATG GTAATGAATT 300  
 GAAAATTGAT GATTGGATTT ATTCAATTGA AGTCTTAGCT AACAAAGGACT ACGAAGGTGC 360  
 TTATTATCCA AGTGTAGAAA ATATCCAAGG TCGGAAAGAT TATCATGAAG GAAAACTGA 420  
 TCATATTAGC GGATTGAAGA AAATAGATGA CTACACTATG CAGGTTACAT TTGATAAAAA 480  
 ACAAGAAAAT TACTTAACAG GATTTATTAC TGGACCTTTA TTAAGTAAAA AATATTTATC 540  
 AGATGTACCA ATTAAAGATT TAGCGAAATC AGATAAAATC CGAAAATATC CTATTGGTAT 600  
 TGGACCGTAT AAAGTTAAGA AAATCGTTCC AGGTGAGGCT GTTCAACTCG TTAAATTTGA 660  
 TGATTATTGG CAAGGTAAGC CTGCACTAGA CAAAATCAAT TAAAAGTTA TTGATCAAGC 720  
 GCAAATTATT AAGGCAATGG AAAAAGGCCA TATTGATGTT GCGAATGATG CTACCGGTGC 780  
 AATGGCAAAA GATGCTAAGT CATCTAATGC TGGTCTCAAG GTATTATCTG CGCCAAGCTT 840  
 AGACTACGGT TTAATAGGtT CGTATCTCAT GATTACGATA AAAAAGCTAA TAAACTGGT 900  
 AAAGTGAGAC CAAAATATGA AGACAAAGAA TTACGTAAAG CAATGCTTTA TGCAATTGAT 960  
 AGAGAAaAAT GGATCAAAGC GTTTTTCAAT GGTTACGCTA GTGAAATCaA TAGTTTTGTA 1020  
 CCATCTATGC ATTGGATAGC AGCCAATCCT AAGGACCTAA ATGATTACAA ATATGATCCT 1080  
 GAAAAAGCTA AAAAAATCTT AGATAAGTTA GGTTATAAAG ATAGAGATGG TGACGGATTT 1140  
 AGAGAAGATC CTAAAGGTAA TAAATTTGAG ATTAACTTTA AACATAATTC AGGTTCTAAT 1200  
 CCTACTTTTG AACCAAGAAC TGCTGCGATA AAAGATTTCT GGGAAAAAGT TGGCTTGAAA 1260

	AATACGATTC CTGTTTATAT GCCATATATC ACATCTTATT TCATGACGCG TGCTATCGGC	1380
	GACAGACCTT TAGTCGTCCC GCATCAATCT CAGAACTTAG CATTTATTGG TAACTTTGCA	1440
5	GAAACAGAGC GAGACACTGT ATTTACAACA GAATATTCGG TTCGTACTGC CATGGAAGCT	1500
	GTTTATCAAT TACTAAATAT AGATCGTGGT ATTCCAGAAG TCATCAATAG TCCATTTGAT	1560
	CTTCGCGTCT TAATGGATGC CATATACGAA CTGAATGACC ACCAAGATTT GCGTGAGATT	1620
10	ACTAAAGATT CGAAAATGCA AAAACTCGCA TTAGCAGGAT TCCTTAAAAA GATAAAAGGT	1680
	ACGTACATTG AGTCATTATT AAAAGAACAC AAATTGTTAT AACGAAAACC ATTAATAGAT	1740
	TTTTATTGG TGATTTCAAA TCATGAGACT GGGACAGAAA TGATGTTTTTC ATAAAAATTA	1800
15	TTTCGTTGTT CCACTCTCAT GATTTTTTTG ATGAAACATA ATTACATGAT TGATTGCATC	1860
	ATTTTGTTAA ACAAGTGATT GCAAACCTGC CATTTACACAC TGAAAATTTA CATAATAAGT	1920
20	GACGATATTT TACAAGTCAT ATACAAATAA CATATATTGT TAAATAATTT TACCTAATCT	1980
	TAACATTAAA TTTACAATTA TAAGCGATAA TCTAAATATA AAGCTTATTT GAGGTGAAAT	2040
	AATGGAAATG TCGGTTACAG AAGTCATTTT CTCCTTTTTA GGTGGTTTAG GTATTTTCCT	2100
25	TTACGGCTTA AAAATCATGG GAGACGGGCT TCAAGCATCA GCAGGAGACA GGCTACGAGA	2160
	TATTTTAAAC AAATTTACAT CAAATCCAGT ATTAGGTGTT ATTGCAGGTA TCGTTGTAAC	2220
	TATTTTAATA CAAAGTAGTT CAGGTACGAC AGTTATCACA ATCGGACTGG TAACAGCTGG	2280
30	ATTTATGACA TTGAAACAAG CCATTGGAGT GATAATGGGT GCTAATATCG GAACAACGGT	2340
	AACTGCATTT ATTATCGGTA TAGATTTAGG CGAATATGCA ATGCCAATTT TAGCATTAGG	2400
	TGCATTCTTA ATCTTTTTCT TTAAACGCTC TAAATCAAT AACATTGGCC GCATACTATT	2460
35	CGGTTTCGGT TCACTATTCT TCGGTCTAGA ATTTATGGGT GATGCCGTTA AACCTTTAGC	2520
	ATCATTAGAT GGATTTAAGC AATTAATGCT TGATATGTCT ACAAATCCAA TACTCGCTGT	2580
40	CATTGTCGGC GCAGGGTTAA CAGCACTAGT TCAAAGTTCA AGTGCGACGA TTGGTATTTT	2640
	ACAAGAATTT TATCAACAAG ATTTAATTAG CTTAAACGCA GCAATCCCTG TGTTACTAGG	2700
	CGATAACATT GGTACCACGA TTACAGCTAT CTTAGCTAGT TTAGCCGGCT CAATCGCTGC	2760
45	AAAACGTGCG GCGTTGTAC ACGTCATCTT TAACTTAATC GGGGTAATTA TCTTCACAAT	2820
	TTTCTTGCCA GTTGTGATTC ATTTGATTAG TTTGTTACAA GATTTATGGC ACTTAAACC	2880
	AGCGATGACG ATTGCAGTAT CACATGGTAT CTTCAACATA ACAAATACTT TGATTCAATT	2940
50	ACCATTTGTA GCAGGTTTAG CATGGATTGT TACAAAGCTT GTCCCAGGTA AAGATATTGC	3000
	TGATGACTAT AAACCTCAGC ACTTAAACAA AGATCTTGTT TATCAGGCAC CTGGTGTTGC	3060

55



	AGACATTCGC GAAATTACAA AAGACGATAA AAAATTGATC AAAAAGCTTG AACAAAAGCA	3180
	TCAAGCTGTT GAAACAATCA ATGATAGCAT TCGAAATTAT TTAGTTAGAA TTTCTACAAA	3240
5	AGCCATTACG AAGGCAGACG TTGAGCGTTT AGCAGTTATG TTTGATGTCA ATCGCTCTAT	3300
	TTTAAAAGTA GCAGAGCTAA CAGAAGAGTA TGTCGCTCAA TTAAAACGCC AACATGATGA	3360
	AGATATTCGC ATTACAGAAG ATGCACAACG CGGTATGGAT AAATTATTCA ACCATGTTGC	3420
10	TGAGTCATTT GATAAAGCCA TCGACATGTT AGATGTTTAT GACAAAACGA AAAAAGATGA	3480
	AATTGTAGAA CGTAGTAGAG AATCATTTAA TATTGAACAT AAACCTACGCA AAGGTCATAT	3540
	TAAACGCCTT AATCGTGGTG AATGTACAAC AAAAGGCGGA TTACTATATA TCGATATGAT	3600
15	TGGTGTTCTT GAACGTATCG GTTATCATTC ACGAAATGTT TCTGAAGCAC TTGTTGGCCT	3660
	TAACGATGAT GTACCTACAG ATGAAGAAAT TGCAACAAC T GAAATTTAAT TTTTACTGTC	3720
20	TTATTTATAT TCATATTTTT TTAAAATTAG AGATTCAGAT GCATGTAAAA AGCCAATCCA	3780
	ACATTCATGG GTTGGCTTTT TTGTTTAGCA AAATTTATTA TCTTAAATCG GCTATAAACA	3840
	CTGATATAAT AATGCTTCAT TAGTATGCGG TAAGCATGAC GGACACTGTT CTCGGAGTCT	3900
25	GACCCCGAAA CGTTTAATAT AACTTTTAC ACGTCGCCTT CATTGAAGCG AATTGCCATA	3960
	ACCTTCACAT TATATATAGT TCTTTCCATA TAAATGTCCA AATTTTTAGA ACAACGCAAT	4020
	AAATAACCAT CCACCTAACT TATCAAAAAT TTAAGTGGAT GGTTTTTTCAT TTTCATTTAT	4080
30	ATTTATATTA GTGTTAATCC AATCATAGAT TTATCTATAT GCACTGCTCT ATACATTTCC	4140
	TCATTTAATT TGCTTTACTT TCATTTATAT CATTATCAAA ACACTTGCGG TGTATCGTT	4200
35	ATTATTTTCGC ATCTTTGACA CGTTTATCAT CATTAGGAAT CGCGAATAAA ATTGCGATAA	4260
	ATGCCATGAT TCCCATTAAT ACGTTAACCC AAAGTGCAAT CATCGCACCT GTATGAATGC	4320
	TCGTTGCAGC AACTGCACCA GCATATACAG CACCACTAAT TGCGACACCG AATGCGCCAC	4380
40	CAAGTGATGA AGCCATTTTA TAAATACCTG AAGCAACGCC AACTTTATCT AACGGTGCAAT	4440
	TCGAAATAGC TGTATCTGTA GAAGGTGTTG CATAAATACC TAAGCCTAGT CCGAAACATA	4500
	AATATCCTAC GACACAACTG ATAACATAAA ATATGCCTGG TAAGAATACT AATGAAATAA	4560
45	GTGCAATACC AATGACCACA ATGAATGTAC CTAATAACAT TGGTCGCTTA GAACCCATTT	4620
	TTTGTAATAA TTTTTCACCA ACTCGAATCA TCAATAACAC CATGATTAAA TAAGTAATTG	4680
	ATAAGTATCC TGCCTGCAAT GCTGTATAAC CTAAACCTTG TTGCACGAAT GTATTCGCTA	4740
50	CAATTAATGT ACCTGCAAAA CCGTTTAATA AGAAGTTCGA AATCGTTGCA CCTGTATATG	4800
	GTTTATTTTC AAATAATTTA AAATCAATAA GTGGATTATC TACTTTTTTC TCAACATTTA	4860
55		

	AACCAAGTGC TGCACCTTTA GTAATGACAA CGTTTAAACT TAGCAACATA ACTACTAGAA	4980
	CAATTAGCCC TGCAACGTCA AATTTATGTG TATTGGTAAT TTCTGATTTC GTTTCAGGCG	5040
5	TCCCTTTGAT GAGTAACATT GAAAGTACGG CAACGATAAT TGAGAAGATG AAAATCCATC	5100
	TCCAACCCAT AGTTGTCGCA ACTGCACCAC CGAAGAGTGA ACAGATACCA CTGCCACCCC	5160
	AAGAACCGAT AGACCAATAA CTTAAGGCAC GCTGACGTTT AGCACCCCTGA TAATAAGTTT	5220
10	TCATAATGGC CAATGTAGAA GGCATAATAC ACGCTGCTGA TACACCTTGT ATAACACGAC	5280
	CTAAAATTAA TAATGCCGGT AAATTCGTAA TAATAATTAA TGCTGAACCA ATAATACTTA	5340
	ATAATAAACC GATATTCGTC ATTTTCACGC GCCCAATTTT ATCTGCCAGA CCACCTGCTC	5400
15	CAACAACAAA CATGCCTGAA AATAGTGCAG TTAGACTGAC CGCAATACTA ATTGTCCCCA	5460
	TGTCTGTACC AAAACTTTGT TGTAATTCG GTACAACATT TACAAGTGAT TGTGCAAACA	5520
20	ACCAAAATGT AATAACACCT AATACAATAC CTAAGATTAA CTTGTTGCCC CCGCGATACG	5580
	TTTCATTTCAT GTTAGTTATC TCCTTTAAGG TAATCTAAAA CAACTGTCCC TACTGCTTCT	5640
	GCAGAAATAA GTAATGATTT TTCTGAAATG TTAAATTTAG GATGATGATG TGGGTAAATT	5700
25	TCACCATTTT CCACCGCTGC ACCTGTATAA ATAAAGGCAC TTGGGCGTTC TTTAGCATAA	5760
	TATGCAAAGT CTTCTGAAGG TGGTTGTGGT TCACACATTT CAACACCAAA ATCAAGGTTT	5820
	GCTTCTTTCA ACGTCTTAGC CACGTACTCA GTAAACTCTG GATCATTATA TAATGCTGGA	5880
30	TAATCATCGT TATATTCTAA GGTGCAAGT ACACCATACA TATCCTCTAA TCCTTTTGAT	5940
	AAACGTTTAA TTTCTTTTTC AATTGTTGCT TTGTAGCAT CTGTTAATCC ACGTACATCA	6000
35	CCTTCAATTT CAACAACATC TTTAATGACA TTGAATTGAC CTTTACCGTC AAATGAACCG	6060
	ATTGTGACAA CACCGGTTTC AAATGGACTT AGTCGTCTAG ATACAACTGT TTGTAACGCT	6120
	GTGACGAAGT AGCTACCTGC AACAATGGCA TCATTGGCCA TATGTGGTGA TGAACCATGA	6180
40	CCACCTTTAC CTTGAACTTT CAATTTGAAG AATGCGCGTC CTGTTTGAAC ATAACCAGGT	6240
	CTGTAATACA CTTTACCTGT TTTCATTGTG CTCATGACGT GTACACCTAA TACATGATCA	6300
	ACACCGTCTA ATACACCATT TTCAATCATT GTTTTAGCAC CACCTGGTGG TACTTCTTCA	6360
45	GCTGGTTGAT GTATCACAAC GACTTTTCCT GTAAACTAT CTTTCATTTT AGCAAGCGTC	6420
	TCTGCTAATA CAAGCATGTA TGCTGTATGT GCATCGTGAC CACATGCGTG CATAACACCT	6480
	TTATTTTGTG ATGCAAAAGA TAATCCTGTA TCTTCAGTAA TGGGTAATGC GTCAAAGTCT	6540
50	GCACGGATTG CTAATGTTTT ACCAGGTTTC CCTGAATCAA TCGTTACTTT AATTCCACGT	6600
	GGTCCGACAT TCGTTTCTAC TTCCACATCT TTACCTTTGT AAAATTCAGC GATGTATTTT	6660

55

	ATCATTTTGC	CTTCTTTAGA	TTTTAAAGTT	TCAATTAAAT	GTTGATTCAT	ATCCTTCATC	6780
	TCCTTAGTTA	CATCATAAAT	GATTAATCAT	TATTTATATT	GCCAACAACA	GAGATGTTAA	6840
5	CCATTAATTT	TTTGCAATTT	TAGCTTTGAA	TATAAAAAAT	CACAAATTAT	GSTATATCAA	6900
	ATTTGTGATT	TGTGATCATT	TTATGAACTT	GGGTAACGTT	TTACTTCAAT	TAAGTGAATC	6960
	CCATTCGTAA	TCATTTTAAT	GTTTAATGCC	AGTGTGTCCG	TGATATCTAT	ATCATATACT	7020
10	TCTAATTTTCG	GAAAACATCAT	TCGATTAACG	TAATCTATAG	AGTCCTTGTC	CATGCCATGT	7080
	ATCGTATGAT	GTTTGCGCCA	AAGATTAAAT	AACGCACCAT	TTTCTTTATC	TAAGGTAAAA	7140
15	TGTTTAATCT	TATACATACC	TTCTTCCAGG	GCATTAATGT	TCAAATGAAT	CATTTCCGTC	7200
	GCACGCATAT	TCATTTGATT	GTCCAACGCT	AAGTACGGAT	TAAAATGCTT	TGCATCATAT	7260
	AACAATATTT	GAAAATTTGA	ATCAGTCCCC	GTGACAATAC	ATGTATCATC	AGAATACAAA	7320
20	ATATTGCTTG	TTAATTTATT	AAATAGCAAT	GCCGTGAAAT	AGACCGGACG	TTTTCCATTA	7380
	TATTGATGAA	ATAGTTCAAT	AGAATTCATA	TAATCCCGTT	CATTTTTTACA	ATGACTGACG	7440
	TGCAAATCAT	AATTCAACCA	ATACCCGATA	CCCTCTACTT	TAGAACTTAA	TTTTAATAAT	7500
25	TGCTCAATGA	TGATACCACC	TCTAAAATAT	TCGCCGTTTG	TAATAAATGT	ATCACCCGTC	7560
	AATGTATTCC	AATTGAGTAA	AATGAGTGGA	CGCTTTAGGC	GATGACGATG	CATTAAGTCG	7620
	ATAAGGTAAT	TCGTTTTATT	AATAATCATT	TGACTCGCGG	TTTTAAATTC	ATCATCATTC	7680
30	ATTTTATTAA	AATCAACAGC	GTCATTTGAA	TTGGCATCAA	ATACAAAATG	GTCGATGTGT	7740
	GGCTCAAGTC	GTTTCAATAA	TGGTAGATGT	CTTTCCGTAG	CTTGATCTAA	GTGAATGTAC	7800
35	AAGCCACCAT	TAGGGAATAA	TGCTTTAAAA	TAATCAATCA	TTTCAATCAA	AGACGTGTGC	7860
	AATGTCGTCA	CATACAAGTT	GAACCTTCAA	TCTTTTCTAT	GACTGACATG	CAGGGCAACG	7920
	TGATGGATAA	AAATTTTAAA	TGCATCGATA	TAATCACGTG	AGTCATACTG	ATCCAAATGC	7980
40	ATGGTCAAAC	TAAAGTTATG	ATCTAATAAA	AAGTCTAAAC	ACAAATCAAT	ATCATAAAAT	8040
	ATATTGAAA	TTTCTGCATC	ATACGTGAAT	GGCGCATTGA	GCTTTTTTCAT	GATATATGGA	8100
	ATCACATCAT	ATGCTAATAC	TTCATTGACT	TGAAAATCAT	GATGACATGT	AAGCAACTGT	8160
45	GATTGATACT	GTGTATTGAG	CAAATTCCTC	AAATAGCCCA	CTTGAATAAT	ATGATTAAAT	8220
	TGATTTAGTT	GGTGATTGGT	TGGTTGAAAG	GCAATCTCTT	TATAGTTCAT	CTTTTCAATA	8280
	TCTTCAATAA	AATGATTCAT	TTCTTCAATG	TAGTCATTTA	AAAGTAATAT	CAATTCACGG	8340
50	TCGTGATAAT	CATGTTGTGC	CGATTGCTGG	TTTTCAGTGA	TTGCTGGACG	ATCACCTCGA	8400
	TATTGTTTAG	GTGTTTGATG	CGTAAAGTGT	TTAAATGTTC	TCGCAAAGCT	CGCTGCACTT	8460
55							

	TTCGCATGCT CAATTCGCGT CGTATTTAAG AAATGATGGA ATCCTACACC TAGCGATTCT	8580
	GTAACCTTTT TAGACAGATG GCTCTCTGAC CACCCAACGT ATTCGCTTAA TTCTGAAAGG	8640
5	CTTAAATCTT CATGAAAATG TAACTCGATA TAGTCGCATA CTTGATTAC TTTATCATCA	8700
	TTTAAGATAC TTTGGTTCGA ATGATATGTA CGCGGGACAT AATGAATCAT ATGCATAAGC	8760
	AACTGAATCA CAAGTTGTTG CTCAGTCAAT TTAGACAACT CATTATGTCG GATATGTGTT	8820
10	GAAACCAGTC TTGCCATTAT ATTTCTCAGT TGATGTATAT TCTTTGTTGT GGTGCGCATCT	8880
	GTTAAGTGAA AATATAGACA ATGCACATCA TCAAACCTGT CTGCTAAATA TTTCAATTGG	8940
15	AATTGGATAT AACATATGAT GCCATCTTGT TGAAGTTGAA ATCGATACAA GTCGCGGTGG	9000
	TTAATGATGA AAATGTCGCC ACTGTTGCAT TCGGTCATAT TATTTTCATC ATAAATGTGT	9060
	GCCTCnCTT TAATAACAAA ACCAATCATT AAACCTATTGA GCCTTTTGAA ATCTGACATA	9120
20	CTCTCAGTTT CTAATCGAAT TAAATAATCA CGTTGCATAC TATCCCTCAA TTCAGTAATA	9180
	TGAATACGTT TATTTTACAT TATTTTACAG CAACATATTT GAATTTTATA TTGAATCGTG	9240
	TGTGTGGATG ATTATTTATC CTCACTCGGT TCAAGATGTA GACTATCAGT AAAAAAAGTA	9300
25	TTTTCACCTT TTTTCTCCAC AAAAGTAAAT TCAATGTCTT TATATCCAAC TG <sub>r</sub> TG <sub>a</sub> ACCT	9360
	TTTAAGTCTC CC <sub>g</sub> AACCTTT CaACaATAAC TTTGGTGCTT TATTCGTTGG TATTTTATAT	9420
	CTTTTTCGTA ATTGTTTAC ATTATAGTCA TCATTAGTTA ATTGATATTT TGCTGAATAA	9480
30	CTCGGTACCT CTGGATTATA TGATATATCG CCGTCTTTGT ACTTCGACAA ATCTTTAAAG	9540
	CTGCCATATT GCGCGAAGAA CTTAAAATTC TCGATTCTT TTTTATATT TTCGTCTTTG	9600
35	ATACCTTTAG TTGGAATGAT TTTATGTCT ACCATTTTAA CGGGATATTC TTTATCTTTA	9660
	CTCTTAGGTC TACCATCTTC ATCATGAAGT GTTTCACCTA CTATATACTT CCCGGTTGTA	9720
	GTCTTAGTGT TTCTATTCAT ATATAGAACC ATACCTTTTG ATTCATACG TTCCCCTTTA	9780
40	GGTTGAACAA CCATTTTCAGA ACCAATAATC CATGTACCTT TATCATTTTT ATCAAATTCG	9840
	TCATCACGAT AACCTTCTTT ATCGTATAAA TCCTCTAGAT TTTAATCGG ATACATACTC	9900
	AATGTTTTTT CAAAGCTTTT CTTAACTTCC GCTTCTTTAC CTATGCCACA ACCAGCAGTG	9960
45	AAACTAATGA CTAATATCAA AAAACTAATA TACAATACCA ATTTGTTTAA TCGTTTCATA	10020
	ATTCACAAT CCTATTCTTC TTATTATCTT TCCTGGATTG ATTCATATT TTGATCGAGT	10080
50	CATGATTATT TATCCTCACT TGGTTTAAAA ATTAACCCAT CACTAAAGTA AATGTTCTCT	10140
	TCTTTTTTCT CTACAAACGT AAATTCAATG TCTTTATATC CAACTGATGA ACCTTTTAAA	10200
	TTCCCTGTAC CyTTCAACAA CA <sub>r</sub> CTTCGGy GCTTTATTG TTGGTATGTC ATATCTTTTA	10260

55

ACCTCTGGAT TATATGATAT ATCTCCATCT TTATAATTCA TTAAATCTTT AAAATTGCTA 10380  
 TATTGCGCAA AAAACTTAAA GTTTTCGATT TCTTTTTTTA TGTtTTCTTC TTAACTTCC 10440  
 5 TCAGTAGAAA TGAATTTATT ATTAATCATT TTAAGTGGAT ATTTTTTTTG ATTATCCTGA 10500  
 GCTACTTCGT ATTTCTCCGT CTTTAtTTCA TTAGTATAGT AAAAtCCTTT TGCACCTCTT 10560  
 GTATTTCTAT CTATCTTCAA AAGCATGCCT TTTATTTTTA GAGCTTCTCC TTTATTTTGA 10620  
 10 ATTGCCATTT GAGAATTTAC AATCCATGTT CCCTTATCAT TTTTATCAAA TTGATCATCA 10680  
 CGATATCCTT CTTTATCGTA TAAATCCTCT AGATTTTTAA TCGGATACAT ACTCAATGTT 10740  
 15 TTTTCAAAC TTTTCTTT 10758

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 222:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1109 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 222:

nTatCaACTT TGGaATTTAA AgTCAATAAC TTTTTTAAAA ACTTTTTGTG TTCACAACCC 60  
 GCTTCTTTTT CAACGCGTTT ATTGCTTAAC ACAAGAACTT ATTTTACCAG CATTCCAAAA 120  
 30 CAAATCAACA TAAAAACGTA CAAATAAAAA GTAATTTTGT ACGTTTAGCA TATATTATAC 180  
 CTATTTATTT GTAGCAGCTA TAACTTTTTG TGCAATCGAG CTATAAATT TACCTAGACG 240  
 ATCATCTGAT TGATATATTG ACGGTGCAAA ATCTTTTGGA TTCCAAGATG GTTGCTCTAA 300  
 AGGTAATTCC CCAAGTAATT GAGTATTAAG TTCATCAGCT AACTTAGTAC CGCCACCTTT 360  
 GCCAAGACA TATTCTTTAT TACCCGTCTC TTTACTTTCA AAATAACTCA TGTTTTCAAT 420  
 40 TACGCCAAGA ATAGAATGAT CCGTATGTTT TGCCATCGCA CCTGCGCGAg CTGCAACAAA 480  
 TGCTGCTGTA GGATGAGGTG TCGTTACAAT AATTTCTTCA CTTGAAGGTA ACATCGTATG 540  
 AACATCTAAA GCTACATCTC CTGTTCCAGG TGGAAGATCG AGTATTAAAT ATTCAATGTC 600  
 45 TCCCCATTTA ACTTCTGTAA AGAAATTCGT CAACATTTTA CCTAACATTG GCCCTCTCCA 660  
 TATAACTGGC GCATTTTCTT CCACAAAAAA GGCCATTGAT ATAACCTTTAA CGCCATGACG 720  
 TTCAACTGGA ATTAATTCCT TCCCTTTAAT TCCAGGCTTT TCATCAATAC CCATCATATC 780  
 50 TGGTACACTA AATCCATATA TATCGGCATC TACTAATCCG ACTTTTTTCC CTTACGAGC 840  
 TAAGGCAACG GCTAAATTTA CTGCAACAGT AGATTTACCG ACACCACCTT TACCGGAGGC 900



ATTTTCTTCT TTTGGTTTAA ATTGATTAC TTTTCTTCC GGCAATGTTT CAAATCGTAT 1020  
 ACCGACCGTT TTCGCACCGT TTTCTTTTAA TGCATTAAACA ACAGCCATCT GTAAATCTAA 1080  
 5 aTTGCGtGCA CCACCTAATT GTGCCATTG 1109

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 223:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3997 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 223:

TCTTTATTTA AAAAAATGAT TGTCTAGTTT GTATCTCTCT GAAGATTGCG CAATAAATAA 60  
 20 AAGCCGATAA CCGTATAATG ATTATCGACT TAAAGTTTAT GTGGCATTCT TTACTTTTGT 120  
 AATTCAGGT GAGTTAGATG ATTATTATCA GATAGATTAT TGCTTATAAT CATATGATGT 180  
 TTGAATGATA TCTTTGATTT CACTGATTAG TGCTTCTTTA GGATTAGCAG TTGTACATTG 240  
 25 ATCTTCAAAT GCGAGCTCTG CCATTCTATC AATTGACTCA TTTAATTCTT CTCAGACAC 300  
 ACCTTGTGAT TTCAAATTCA TTTCAATTCC GACTGATTGA CCTAATTCGT AGACAGCTTT 360  
 AgCTAATGAT TCTACGAGTG CTTCTGTCGT ATTACCTTTT AATCCTAAGA ATTTGGCAAT 420  
 30 ATCTGCATAA TCTGTATCTG CTCTGAAGAA CTCATATTTA GGAATAATG CATGTTTTTG 480  
 CGGGTCTTTG GCATTATAAC GGATAATATG CGGTAGTAAT ATCGCATTCT CTCTACCATG 540  
 CGGAATACCA TATTCGCCAC CAATTTTATG CGCAATTGAG TGTGCAATGC CTAAGAATGC 600  
 35 ATTTGCAAAT GCCATACCAG CCAAAGTTGA TGC GTTATGC ATTTTCTCTC TTGAAACTTT 660  
 ATCAcCCTTT TCAACAGATG ATTTTAAATA TTCGAACGTC AATTTAATCG CTTGTAGACT 720  
 40 CAAACCTCTT GTGTAGTCTG AAGCCATTAC AGATACATAT GATTCCATTG CATGCGTTAG 780  
 TACATCCATT CCTGTATCTG CTGTAACGCT TTTTGGCACA CTCATCACAA ATTGAGGGTC 840  
 AATAATTGCA ACGTCAGGTG TTAAAGCAAA ATCAGCCAAC GGATATTTTA CATTTGTTTC 900  
 45 ACTATCTGTG ATAAGTGCAA ATGGTGTTAC TTCTGAACCT GTACCTGATG TCGTAGGGAT 960  
 ACAAATGAAC GTCGCATTTT CAGGCATGCC TATTTTATAA GTACGTTTAC CGATGTCTAG 1020  
 GAACTTTTGT TTAGCACCGA AGAATGATGT CTCAGGGTGT TCAAAGAACA TCCACATTGC 1080  
 50 TTTTGCAGCA TCCATCGCTG AACCACCACC AAGTGCAATG ATTGTATCCG GTTGGAAATC 1140  
 AACCATCATT TCCAGACCTT TATATACTGT ATTAGTTGAT GGGTTCGGTT CGACTTCGCT 1200

	ATAACCGAAT TCTACCATAC CAGGGTCACA GACAATCATC ACTTTTTTCAA TCTTGTCAT	1320
	TGTTGTTAGA CTCATGATTG CATTTTCTTC AAAATAAATT TGAGCAGGCA CCTTGAAAAT	1380
5	TTGAGTATTA TTACGTCGTT TAGCAATCGT TTTAATGTTT AATAAATCTG TCGCACTAAC	1440
	ATTATGTGAA ATTGAGTTTC TACCGTAGaA CCACAACCTA ATGTTAAAGA CGGAATCAAT	1500
	TCGTTATACA TATCACCAAT ACCTCCAACC GCTGATGGTG TATTTACAAG TACACGACAA	1560
10	GCTTTCATTG TTAGTCCAAA ATCTTTTTGT AATGTTTCAT CTTCTGTATG GATAACGGCT	1620
	GTGTGTCCTA ATCCACCAAA ATGTAGTGTG TCTTCACAAA TTTGAAATGC TTGTTTTGTA	1680
	GATTGGGCTT TTAATAAGGC TAATACTGGA GATAATTTTT CACGAGATAA CGGATAGTCT	1740
15	GAACCTACAC CGCTAATTTT GGCTATGATA AGTTTTGTAT TTTGGGGGAC AGGTATACCT	1800
	GCTAATTCAG CTATTTCAAC TGCAGATTTA CCGACAATAT CAGGCTTAAT ACCTGTTTTT	1860
20	TGTTCAATCa TAATTGCATT TTCTAAGCGT TGTAATTCAT CTTTTTAAC AAAGTATGCT	1920
	TGATGTGCTT TAAATTCATT AGTAACATCT TTATAAATTT CTTTATCAAT GACTACAAC	1980
	TGTTCAGAAG CACAAATCAT ACCATTATCA AATGTTTTTG AACCAATGAT ATCATTTACT	2040
25	GCACGTTTAA TGTGTGCTGT TTTTCAATG TAAGACGGCA CGTTACCTGG TCCCACACCT	2100
	AATGCCGGTT TGCCAGTTGA ATATGCAGAC TTAACCATGC CCGAACCACC TGTGCTAGA	2160
	ACTAATGCAA TACCTTTGTG ATTCATTAAAT TGTTTTGTTG CTTGATAGA AGGCACTTCA	2220
30	ATCCACTGAA TAATATCTTT AGGTGCACCT GCCTTCATTG CCGCTTCTAA TACAACTTCT	2280
	GCTGCACGCT TCGACGATTC TTGTGCACTT GGATGGAATG CAAAATGAT TGGATTTCT	2340
35	GTCTTAATTG CAATCATCGC TTTAAAAATA GTTGTGACG TAGGATTTGT TGTTGGCGTA	2400
	ACACCACAAA TAACACCAAT TGGTTCCGCT ACATACGTTA ATCCTTTTTT TTTATCTTCA	2460
	CCAATAATCC CTACTGTCTT ATTGTCTTTT ATTGAATTCC ATATATATTC AGAAGCGTAT	2520
40	AAATTTTAA TCGCTTTATC TTCGTATATA CCTCTCCAG TTTCTTCATG TGCTAATTTT	2580
	GCTAGCACCA TATGTTGATC AACAGCTGCT AAGCTCaTTT GATGAACAAT ATGATCAATT	2640
	TCTTCTGTG ACTTTTTAGA TAATGCTTCT AATGCTTTTT TCCCTTTGTC AGCTAGAGCA	2700
45	TCAATCATAA TTGCCACTTC TTGTTCTTTC GATCCACGAT TTTCTTTTTT AGGTATAGTT	2760
	AACATATACA ACCACTCCTT TATACTTTGT GAATTATTTT ACAAACATTA TAGTACATGT	2820
	CTCTCAGGAT ATAAAGAAAA TTCTATACAA AAAAGTTTAA TTTCGAATAT TATTTGAACA	2880
50	AATATCAAAT TTTAAATAA ATGTTTTCAT GAAATCATTG TTATTTCCGT GTTTTTAGAA	2940
	TGATTTTATA ATCATAATTT TTTCAATGAC ATAATTTATT CATAATTATA TATTTAATTC	3000

55

TCCTTGTCGA TACCTATCAA CAGATGTTAC AAATAAAAAC CaCCCGTGTG AACGGGTGGT 3120  
 TTGTTCTGCG gCTATAAGCC TTCCTTACTG GCCaGCCCTA AAAGGGCACT GACAAGTCAG 3180  
 5 CCAACTGCAC TACTATTCCA GCAATCCTAA AGGTTTACTC TTTTTTCTTT CTTTTTTTAT 3240  
 TTTTCTCTCC AGTGAAAGGA TCTAAATATT CTTCCATTGA AATTTCATCT GCAACGATAT 3300  
 CCTCTTGTA TTTGATTACGA ATATAATTTT CAATCACTTT TTTATTTCTA CCTACTGTAT 3360  
 10 CCACATAAAA TCCTTTACAC CAAAACTTTC TATTTCCATA TCTATACTTT AAGTTAGCAT 3420  
 GTCTATCAA TATCATTAAA TTA CTTTCC TTTTAAATAG CCAACAAATG ATGATACCCC 3480  
 AAGTTTGGGT GGTATACTTA CTAACATATG GATATGATCT TTACATACCT CTGCTTCAAT 3540  
 15 TATCTCTACA CTTTTTCTTT CATATAATTG ACGTAATATA ATCCCTATAT CTTTTTTTAT 3600  
 TTTTCCATAT ATCGCTTGTC TTCTGTATTT AGGTGCAAAG ACAATATGTT ACTTACAATT 3660  
 20 CCATTTCGTA TGTGCTAAAC TGTTTGTGTC AGATGACATT AAATAGCATC TCCTCGTGTT 3720  
 GATTATTTTG GTTGGCTGAC CAATATTTAC TCTAACATGT AGAGATGCAT TTTTTTGACA 3780  
 ATGGTAGAAC CTTTTCTGGG GAGTGGGACA GAAATGATAT TTTCGCAAAA TTTATTTTCGC 3840  
 25 CGTCCCACCC CAACTTGCAT TGTCTGTAGA AATTGGGAAT CCAATTTCTC TTGTTGGGG 3900  
 CCCC GCCCA ACTCGCATTG CCTGTAGAAT TTCTTTTCGA AATTCTCTGT GTTGGGGCCC 3960  
 CTGACTaGAA TTGAAAAAAG CTTaTTaCAA GCGCATT 3997  
 30

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 224:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1391 base pairs  
 35 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

40 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 224:

GnGCGAGACA AACACACtTA TTGGTGCCAT TATmCcTAGA ATGaATTCaT ATGCAGTAGA 60  
 TGAaaCAATC AAAGGATTGG CAAAACAATG CCAAAAATAT GAATCaCAAT TAATTTTAAA 120  
 45 TTACACAGGT TTAAATATCG AAGCAGAAAT ACAAGCGCTT GAAACATTAG CACGCaGTAA 180  
 AGTAGATGGT ATTGTTTTAA TGGCTACAGA CATAACAGAG AGACATATTG AAGTCATTAA 240  
 TAAAATGAAT GTACCAATCG TTATTGTTGG TCAACAACAT GAACAACTTC ATAGTATTGT 300  
 50 GCATGATGAT TATAAAGCAG GTCAAATTAT AGGCGAATGG ATTGGTCAAC AGGGATATCA 360  
 ACAAGTTGAA GTGTTTAGTG TAAGTGAAAA AGATATTGCA GTTGGTATAC ATAGAAAACG 420  
 55

TACTTATGTG GAAGCACAAA AAGATGTTGC AAATGTTTTG GAAAATGTGG AGCAAGTAGA 540  
 TCGGTTGTT GGAGCAACTG ATACGATTGC ATTAGCTGCC TATAAATATT ATTCTGATAA 600  
 5 AAAAGATGTT ATGAAACCAC ATCAAATATA TGGTTTTGGT GGTGACCCAA TGACACAATT 660  
 AGTGTCTCCA TCGATAAAAA CAATTCATTA TAATTATTTT GAAGCTGGCC AATGCGCGAT 720  
 GGaAGAGATA CAACAGATGC TTAAAAAGCA AGATATGCCA TATAGCGTCA CAGTAGATGT 780  
 10 TAATATTTAG ACGCTGTATT TTTTAAAATA AATGTGGAAC CGATACCATA TAACTATAAA 840  
 TGGATAGGTT AAAAGTTAAA GAACGTAGGT AAAATTGCT ATAATAGAAT ATAAATTGTT 900  
 AACAGCATAA ATTATAAAG GAGGACTGGG TAAATATTAT GACCGAATGG ACTAGAGAAG 960  
 15 AACGTTATCA ACGAATCGAG GACGTTGATA CTGAGTATTT TAAACATTA AAACAACAAG 1020  
 TTGATCAATC AAAATTTCTG CAACAATTTT ATATACAACC AGAAACAGGC TTATTAAATG 1080  
 20 ACCCCAACGG ACTTATTTTT TATAAAGGGA AGTATTATGT TTCACATCAA TGGTTCCCAT 1140  
 TAGGCGCAGT ACATGGCTTA AAGTATTGGT ATA ACTACAC GAGTGATGAC TTAATAAACT 1200  
 TTAAAGCTGA AGGGCCAATT TTAAATCCAG ATACTAAATA TGACAGCCAT GGTGTATATA 1260  
 25 GCGGTAGCGC TTTTGAATAT AACGGGCATT TATATTATAT GTACACAGGA AATCATCGAG 1320  
 ATAATCATTG GCAACGACAT GCGAGTACAG ATGATCGCAC GATTGAAAGA AGACGGTTnC 1380  
 AGTTGGnAAA A 1391

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 225:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 930 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 225:

ATTTATTTTA ATGTTTATAT TTTCTAACAC TTTTTTATGA TCATAGTAGT AATTGACATT 60  
 TTTCAATTCA AAGACTGGTG TCATCGTATC TCACCTCGCA TTCAACTATA CAACTCCTAG 120  
 45 TAACATATGT AAACAGTAAT GTTTACGACT CAAATTAGA CAAATAAAG AGATATGCCC 180  
 CCTTCAAGTT TTATTTATCG CATTTCTTGA AGAGAGCATT ATCATTTTAT TGTTCATAA 240  
 CCTTATTTTT TAATTCTGGG TCAAATTGCT GTTGTTTTAA CATTTCAATT TCAAGTTTAT 300  
 50 ATGGCGGTTT TTTATTTTTT TTATCTTCAC CAACATAAGG TGTTTCTAAG ATTTTCGGAA 360  
 TATCTTTAAA ACTATCATGA TGCACAATGT AATTTAATGC ATCAAAACCA ATGTAACCGA 420

GAACAACTTT GATTCTGTCG ACTCCAATGA TTTTATCAAA TTCATTTAAT ACGCCATCAA 540  
 AGTCCTCTTT AACATTATAT CCAGCATCAT GCGTATGACA TGTATCAAAA CATACTGATA 600  
 5 AACGTTGTTT ATTATGAACT CCATCAATAA TACGTGCTAA CTCTTCAAAT GAGCGACCAA 660  
 TCTCTGTACC TTTACCTGCC ATCGTTTCAA GCGCAATACG TACATTATTG TCATTTCGTTA 720  
 AAACCTCATT TAATCCTTCA ATAATCTTAT TAATTCCGGC ATCAACACCA GCTCCAACAT 780  
 10 GCGCACCTGG ATGTAATACA ATATCTTTAG CCCCTATAGC TTGCGTTCTk TCaATTTCTT 840  
 GTTGCAAGAA ATCTACACCA AGATTAAACG TTTCTGGTTT GGTGTAttG CAATaTTaAT 900  
 GATGTATGGT GGCATGAACA ACAATATTAG 930  
 15

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 226:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1984 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 226:

TGACGCACCA ATTTATAACG CAATTGACAA AACAATTAGA TATACCTGTG AAATTTGTAC 60  
 CTGGAAACCA TGATTTATGG GAAGTTGAAA GTATGACTAC GCAAGACATT TGAATAATT 120  
 30 ATAAGAGTAT GTCACAGTGC TTGGTAGGAA AACCATTTAT AGTAAATGAA GAATGGGCAA 180  
 TCATAGGACA TACTGGCTGG TATGATTATA GCTTTGCAGC ACAACGATTT TCATTAGATG 240  
 AGTTACAAAA AGGAAAACAT TATGGTGCGA CTTGGCAAGA TAAAGAACGA ATATCTTGGG 300  
 GCATATCAGA TCAAAATTTA TCTAAAATAG CGGCTGAACA AGTGAAGAAA GATATATTAG 360  
 AAGTAGGAAA TAGACGAGTG ATTTTAGTCA CACATGTTGT GACGCACCCT GATTTTCATTG 420  
 40 TTCCTATGCC GCATCGTATA TTCGATTTTT ATAATGCATT TATTGGGACA AGTGATTTCA 480  
 ATCCTTTGTA TGCGATGTTT GATATACCAT ATAGTATTAT GGGCCATGTT CATTTTCGTA 540  
 AAAGTGTGAT AGATGATGGC AGATGTTATC TCTGTCCGTG TCTAGGCTAT CCAAGACAAT 600  
 45 GCGGTTGAGA AGATATTTAC CAGGAAATAA ATGAGACGAT ACAAATAATA GAAATTTAAA 660  
 ATGCGCAAAC CTGACCCAGT TTGCGCATTI TATGTTTTAC ACACGCGAGT AATGTGTTTA 720  
 CTTACGTGTG TTTATTTTGT TGCTGATTTT CAATTGTATA TGAATGTGGT TGCACATAAA 780  
 50 TGCACTTTCT TCCTGGTGAA TTAAAGCTGT ATTCCATTTT CTCTTTACGA ATTTTAATAA 840  
 TTTGTTTGGC ATTTGGAATG ATGGCAGGTA AAAC TAGGCC ACGACGAATA TGA CTCCAAA 900



TTGAAACTTG TTTCGCTGGC TTGTTATCAA AGCGGAAAAC ACGTAGTAAT GGTTTAGAAC 1020  
 CAAGATTAGT ATGGTATATT AACACAGGTT GACCTTGATC GATAATACCT TTAAGATCTT 1080  
 5 CTAACGATTT ACCAGTGCCG TCTACGATAT TAGGATTGTA TTTTGTAAA AATGGTACAT 1140  
 ATGCTTCTGG AAATATCGTT TGATGATAAT TGCCAAGCTT AATGAATAAG TGATGTCCAA 1200  
 CATAACCTTT ATGTGGATTG TTCGGATGTG TCGGCCAATG TCTCATAATT TCTGTAGCAG 1260  
 10 GGATATGTTG GTTGTGTAT TGCAACATCA TGGCTGCGGA AACACCTTCA CACCCCATGA 1320  
 CCATAGGGAT AGGAAATAGC TGA CTGATAG GTTAACTGG TAATATTTTT CGGTTTATAA 1380  
 TATAGTCCTC GCATTGATTC AATAAATATT TAATATAATT ATATAGCGTC AATGCAAAAT 1440  
 15 GTCCTAAACA TATGTTTTAC ATGAGTGAAT AAAATTAATG GAGTGATAAA ATGGAATATC 1500  
 AATTACAACA ACTTGCGTCG TTAACGTTAG TAGGTATTAA AGAAACGTAT GAAAATGGAC 1560  
 20 GACAGGCTCA GCAACATATA GCAGGGTTTT GGCAAAGATG TTATCAAGAG GGAGTAATTG 1620  
 CGGATTTACA GTTAAAAAAT AATGGTGATT TAGCCGGGAT ACTTGGCTTA TGTATACCTG 1680  
 AATTAGACGG TAAGATGTCA TATATGATTG CAGTTACCGG AGATAATAGT GCTGATATTG 1740  
 25 AAAAATATGA TGTACATAACA TTAGCAAGTT CAAAGTATAT GGTATTTGAA GCACAGGGCG 1800  
 CAGTACCTAA AGCAGTTCAA CAAAAAATGG AAGAGGTTCA TCACTACATA CATCAATATC 1860  
 AAGCAGATAC GGTAAAATCA GCACCATTTT TTGAGTTGTA TCAGGATGGT GATACTACAA 1920  
 30 GTGGAAAATT AATATTACCA GAAATTTGGG ATnCTGTTA AAGGGGTGAT TGAAATAnGA 1980  
 AnTG 1984

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 227:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 6373 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 227:

45 GATTCCACGT GTGTTAAAAG AAGTTACAcC TTCAATGATG GTATTTACTA ATTTCTTTAG 60  
 AGATCAAATG GATCGCTTCG GTGAAATTGA TATTATGGTT AATAACATTG CAGAGACAAT 120  
 TAGTAATAAA GGCATCAAAT TATTGCTAAA TGCTGATGAT CCATTTGTGA GTCGTTTGAA 180  
 50 AATCGCAAGT GATACGATTG TGTACTATGG TATGAAAGCA CATGCCCATG AATTTGAACA 240  
 AAGTACGATG AATGAAAGTA GATATTGTCC AAAGTGTGGT CGCTTATTGC AATACGATTA 300

	AAAATATGAA ATATCAAGTT TTGATGTGGC ACCGTTTTTA TATTTAAATA TCAATGATGA	420
	AAAATATGAT ATGAAAATTG CAGGTGACTT TAACGCTTAT AACGCGTTAC AGCATATACT	480
5	GTTTTAAGAG AGCTAGGGTT AAATGAACAA ACAATTAAAA ATGGCTTTGA AACGTATACA	540
	TCAGACAATG GTCGTATGCA GTACTTTAAA AAAGAACGAA AAGAAGCGAT GATCAATTTA	600
10	GCTAAAAATC CTGCAGGAAT GAATGCAAGT TTATCAGTTG GTGAACAATT AGAAGGCGAA	660
	AAAGTGTATG TTATTTGCT AAATGATAAC GCTGCAGATG GTCGAGATAC TTCATGGATT	720
	TATGATGCAG ATTTTGAAAA ATTATCTAAG CAACAAATTG AAGCTATCAT CGTGACAGGT	780
15	ACACGAGCAG AAGAACTTCA ATTGCGATTG AAGTTAGCAG AGGTTGAAGT ACCAATTATA	840
	GTTGAGCGTG ATATTTATAA AGCAACGGCA AAGACTATGG ATTATAAAGG TTTCACAGTT	900
	GCAATACCAA ACTATACATC ATTAGCGCCT ATGCTTGAAC AATTAAACCG TTCGTTTGAA	960
20	GGAGGTCAAT CATAATATGC ATGAATTGAC TATTTATCAT TTTATGTCAG ATAAATTGAA	1020
	TTTATACAGT GATATAGGAA ATATTATTGC TTTAAGACAA CGTGCTAAAA AACGAAATAT	1080
	TAAAGTTAAT GTCGTAGAAA TCAATGAAAC AGAAGGTATT ACCTTTGATG AATGTGATAT	1140
25	TTTCTTTATC GGTGGTGGAA GTGATAGAGA ACAAGCATTG GCAACAAAAG AATTAAGTAA	1200
	AATTAAGACA CCACTTAAAG AAGCGATTGA AGATGGTATG CCGGGATTAA CGATTGTGG	1260
30	AGGCTATCAA TTTTLAGGGA AAAAATATAT CACGCCTGAT GGTACAGAAT TAGAAGGGTT	1320
	AGGTATTTTA GATTTTATA CTGAATCAA GACAAACCGA TTAACAGGAG ATATTGTTAT	1380
	CGAAAGTGAT ACTTTTGGAA CTATTGTAGG TTTTGAAAAT CACGGTGGTA GAACATATCA	1440
35	TGATTTCCGT ACACTTGGTC ATGTTACTTT TGGTTATGGT AATAATGATG AAGATAAAAA	1500
	AGAAGGCATT CATTATAAAA ATTTATTAGG TACTTATTTA CATGGACCAA TTTTACCTAA	1560
	AAATTACGAA ATCACTGATT ATCTGTTAGA AAAAGCTTGT GAACGTAAGG GTATTCCGTT	1620
40	TGAGCCTAAA GAAATAGATA ATGAAGCGGA AATACAAGCG AAACAAGTAT TAATAGACAG	1680
	AGCAAATAGA CAGAAGAAAT CTCGTAACT CTGAACATCG CATCAATGGA TTTAATATTG	1740
45	ATAAACGATG AAGTTTAGTA ATTAATCATA TATGTATAAA CACACACATT ATTTTGGATG	1800
	GAAACAACCA AATTGATGTG TGTTTTTTTG TTCTAGTGAA TAATTATTAT ACAATGAGTA	1860
	TCTATCCTAG AATTATCAAT AGTAATGGTG ATTATGCAAC ATGAAAAAAT GAATGATGAA	1920
50	AGGAATTGA CGATGAAGCC TACTAAAGTG ATATTAAAAG ATGCATCTTA TTTACATAGC	1980
	AAAACATCGA TAACATTTAT TTTAAAAGAT GTAGTTATCG AAGAAGATAA TAAAATTTAT	2040
55	TATTTGACA CTAGTGCACT TTCGAAGATC AAGAAGTTAA ATTTGAATTT GCACTCTTTG	2100

	TTATAGAACC TGATTTACAT TTTACAATTA TTGATTTTAA TCAAGAACTG CTTTGTATTT	2220
	ATATTGATTT TGATTCTGGT TTAAGGCATT CAAACATGGC AACAGAATCT GGTATTTTCAT	2280
5	TAAGGATAAA TGTTGCTAAA TCAGATTTTA CTAAATTTAT TAATGAATTA GCCTCTTTAC	2340
	ATTAATGATT TAAATCTGAT ATGTAATTAC AATCAAAAAA GACAGCCACA TCCCTCCGTA	2400
	GTTTAGGCGT GTGGCTATAT TTGAGTCTGA ATATTTATGC TTGTAATTTT AAAAAGGGAC	2460
10	ATGCTATATA CGATAAAAAG AGGCGGGGAC ATAAATCAAT GTTCTATGCT CTACGAAGTT	2520
	ATATTGGCAG TAGTTGACTG AACGAAAATG CGCTTGTAAC AAGCTTTTTT CAATTCTAGT	2580
15	CAGGGGCCCC AACAAAGAGA AATTGGATTG CCAATTTCTA CAGACAATGC AAGTTGGGGT	2640
	GTGGGCCCCA ACACAGAGAA TTTCGAAAAG AAATTCTACA GGCAAAGCGA GTTGGGGTGG	2700
	GACGACGAAA TAAATTTTAT GAAAATATCA TTTCTGTCCC ACTCCCATGG TGCCAATTAG	2760
20	CATAAGGTAC TTAAATTAAG CATATCTGCT GTCTAGCAGT CGATAAATCA TTAGAACTTC	2820
	GTATAGTATA TGACTTTTAA TTTGATTTTC ACCACTAATT TCAAGTGCTT TTATAGTCGA	2880
	ACGTAAAGTT TCTACAGAAT CATCTTCTCT CTTAAAAGAA CCATCATAAA ATATATCTTT	2940
25	GATGCTACTA CTAATTTTAA GCAATGCCAT TTTTTCGTCA CCTGAAAAGT TAACACGAGT	3000
	ATTTTLAGGC AAGTAAATGA TATTGATAA ATGAGTGATA AACAAACGAT TCGTATATGC	3060
	ACGTTTAGTT AATTGATTGA GTAATTTCCA ATCACATTCT TTTTCTTAT GATAGCTTAA	3120
30	TTCATCACGT TGATAACTTA TTAACGTTTC AACTTGATTA TTAAATGA AAATATTTT	3180
	ATATGCTTTT TCGCTTTTAT CAGATTGCAG TCTTGATAAG ATAAGTTCTT GGCAGCGATT	3240
35	GTAAAATAAT TTATACATCA AGGCATCTGT CTTACTTAAT TTTTCTTCGA CCTGACCATA	3300
	ATACTTAGGT GGAAACACCA TGAAGTTAAT TAAACCTGAT GTCACGAGTC CAATAATTGC	3360
	TGTCAATGTT CGAGACAAAA AGTTGAATAT GTAGGCATCA TGAATACCTG GAATCATAGC	3420
40	TAATGATGTT AGTACAGCGA CATTCGTACC AACTTGCAAT TTGAGTTTGG TACAGAATAA	3480
	AATCGTGAAC GTTGCACTCA ATGCATATGT AAAAGGTGAT TGATCGCCGA ATAAATATGT	3540
	AAATAATACT GCAAAGCCTG CACCAATTAC CGTAGCAGGT AATCTACGAT AACCTTTAAT	3600
45	AAGTGATGCC TTGGCAGTTG GTTCAATTGT GACTACAGCT GTTAAATGG CATAGATGGG	3660
	TGTTAAATCT AGTGCCATAC AAAAGACAGC TGTTAAAAAA ATGGCAATAC CAGTTTTAAT	3720
	TGTTCTGGCA CCAATTAAAT GTTTATACCA TTGATCGTTC ATTTTAAAC CTCTAATCAT	3780
50	CGTAAAATCT TAGCGAGCGC TTTATAATAA TAGTATCGTA CATTGGAAAA GTTCATGTAT	3840
	GTAAAATATT TGAAATAATC ATACATAAGC ATTACTTTGA TTTTCATATA CATTAATCAA	3900
55		

	CAAGCATT	TTT TCAATTATAG	TCCGGGGCCC	CAACATAGAG	AATTTCAAAA	AAGAAATTCT	4020
	ACAGGCAATG	CAGGTTGGCG	GGGCCCCAAC	ACAGAAGCTG	ACGAAAAGTC	AGCTTACgAT	4080
5	AATGTGCAGG	TTGGCGGGGC	CCCAACATAG	AGAAATTGGA	TCTACAATTT	CTACAGGCAA	4140
	TGCAAGTTGG	GGTACAACGA	TAAAGAAATA	TTTTTCTTT	ATCACACTAT	GTCTCACTCA	4200
	CTTTCCAAAA	TACTAAAGTA	ACATCTTTAG	TATATCAAAG	AATTTTTGCT	ATAATAAGTT	4260
10	ATAATTATAT	AAAAAAGGAA	CGGGATAAAA	TGATTGTAAA	AACAGAAGAA	GAATTACAAG	4320
	CGTTAAAAGA	AATTGGATAC	ATATGCGCTA	AAGTGCGCAA	TACAATGCAA	GCTGCAACCA	4380
	AACCAGGTAT	CACTACGAAA	GAGCTTGATA	ATATTGCGAA	AGAGTTATTT	GAAGAATACG	4440
15	GTGCTATTTT	TGCGCCAATT	CATGATGAAA	ATTTTCCTGG	TCAAACGTGT	ATTAGTGTCA	4500
	ATGAAGAGGT	GGCACATGGG	ATTCCAAGTA	AGCGTGTGTCAT	TCGTGAAGGA	GATTTAGTAA	4560
20	ATATTGATGT	ATCGGCTTTG	AAGAATGGCT	ATTATGCAGA	TACAGGCATT	TCATTGTGTCG	4620
	TTGGAGAATC	AGATGATCCA	ATGAAACAAA	AAGTATGTGA	CGTAGCAACG	ATGGCATTG	4680
	AGAATGCAAT	TGCAAAAGTA	AAACCGGGTA	CTAAGTTAAG	TAACATTGGT	AAAGCGGTGC	4740
25	ATAATACAGC	TAGACAAAAT	GATTTGAAAG	TCATTAAAAA	CTTAACAGGT	CATGGTGTG	4800
	GTTTATCATT	ACATGAAGCA	CCAGCACATG	TACTTAATTA	CTTTGATCCA	AAAGACAAAA	4860
	CATTATTAAC	TGAAGGTATG	GTATTAGCTA	TTGAACCGTT	TATCTCATCA	AATGCATCAT	4920
30	TTGTTACAGA	AGGTAAAAAT	GAATGGGCTT	TTGAAACGAG	CGATAAAAGT	TTGTTGCTC	4980
	AAATTGAGCA	TACGGTTATC	GTGACTAAGG	ATGGTCCGAT	TTTAACGACA	AAGATTGAAG	5040
35	AAGAATAGTT	CAACATATAC	TAAGACTAAA	GTATGAACAT	CATTTAGTTC	CGGAGCCTAT	5100
	TCATATTGGT	TTGGAAGT	TTTATAATA	ATTAAGAACA	CAATCAATGC	GTCATTTCAA	5160
	AAATATGTTG	TAACAAAGTA	GTTTTTAAGC	AAACATATCA	TCGACATCAA	CGAAGATACA	5220
40	TAGCGCATTT	GGTATTTTAA	AACTTATTAT	AAAAGGTGAT	AGTTATGAAC	TATGTTGAAC	5280
	GTTATATTGA	ACAGTTTTTG	AGAGCAACAG	TAAGAAATAA	TATCAAGCAC	TACCTTTTAA	5340
	TGCTAGATGA	AAAAATGAAA	AATTTAGATG	ATTATATGCG	TTATTTAATT	ACTAAAAAAG	5400
45	AACAACCTAG	CAAGTTAATT	GACAGTCTAA	TGCTAACATT	AGAAAATAAA	TATATTGATA	5460
	TTGCTGAAGC	ATTTCAAATT	CAATGTGCAA	GAGAAATCAA	TAATCAAGAA	ATTGAAAATA	5520
50	TTAAATCAGA	GTTGAATAAA	GTTGAAGCAT	ATTATGCACA	AATTGAAACT	CAAATTCAAC	5580
	AAACTTCAAC	TGAAAAAATA	GCAACAGAAA	AAACATCGTA	TCTAATAAAT	TATATGAACG	5640
	CTGTGGCATA	GAAAGGCGGC	GAAACATGAC	ACACAAATAT	ATATCAACGC	AAATGTTGAT	5700

55

CTTTTTACTC GTTCTATTAT TGGGATGTGT ATTAGTTTAT GTAGGATATC TTTATTTTCA 5820  
 TAAAATACGT GGCCTTTTGG CGTTTTGGAT AGGCGCGCTA TTAATTGCAT TCACATTATT 5880  
 5 GTCTAATAAG TATACAATCA TCATCTTGTT CGTCTTTTTA TTATTACTTA TTGTGCGTTA 5940  
 TTTAATACAC AAGTTTAAAC CAAAAAAGT AGTTGCGACG GATGAGGTTA TGACTTCACC 6000  
 ATCTTTTATT AAACAAAAGT GGTTTGGTGA GCAACGTACA CCAGTTTATG TATATAAGTG 6060  
 10 GGAAGATGTA CAAATTCAAC ATGGAATTGG CGACCTACAT ATTGACTTAA CAAAAGCTGC 6120  
 AAATATTAAG GAAAATAATA CCATTGTTGT TAGACACATT TTAGGTAAAG TGCAGGTTAT 6180  
 ATTGCCGGTT AATTACAATA TTAATTTACA TGTAGCTGCT TTTTATGGAA GTACTTACGT 6240  
 15 GAATGAAAAA TCATATAAAG TTGAAAATAA CAATATTCAT ATTGAAGAAA TGATGAAACC 6300  
 GGATAACTAT ACAGTTAATA TCTACGTATC AACGTTTATC GGAGACGTAG AGGTGATTyA 6360  
 20 TCGATGAAYC ACT 6373

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 228:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 25 (A) LENGTH: 4488 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 228:

30 ATAGnGAAAG CGTTTTACAC TTAATAACTC CCTCTTAAAT GCATCCAGGT TCTATGTAGT 60  
 AAATCATGAA nATAACATAT AAATnTAGAG GAGATTTACC TTTGAATACA GAGAACAACA 120  
 35 AGAATCAAAA CCAATCTGTT AAAAATTCTG AAAGaCGCGG CATGTTAAAA GGATGCGGCG 180  
 GTTGCCTTAT TTCTTTTATT TTATTAATAA TCTTATTATC AGCCTGTTCA ATGATGTTTA 240  
 40 GTAATAATGA CAATTCCACT AATAATCAAT CATCAAAAAC GCAATTAAC TCAAAAAGATG 300  
 AAAATAAAAA TGAAGATAAG CCTGAGGAAA AATCAGAAAC AGCAACAGAT GAGGATTTAC 360  
 AATCAACCGA AGAAGTACCT GCAAATGAAA ATACTGAAAA TAATCAACAT GAAATTGATG 420  
 45 AAATAACAAC AAAAGATCAA TCAGACGATG ATATTAACAC ACCAAACGTT GCAGAAGATA 480  
 AATCACAAGA CGACTTGAAA GATGATTTAA AAGAAAAGCA ACAATCAAGT AACCATCATC 540  
 AATCCACGCA ACCTAAGACC TCACCATCAA CTGAAACAAA CACGCAACAA TCATTTGCTA 600  
 50 ATTGTAAGCA ACTTAGACAA GTATATCCGA ATGGTGTTCAC TGCCGATCAT CCAGCATATC 660  
 GACCACATTT AGATAGAGAT AAAGATAAAC GTGCATGTGA ACCTGATAAA TATTAAACAA 720

55



	GGGAGATTTT	TTAGGCATGA	GCAATCAATT	CAAAAGCGAA	GAAGAGCGAA	GACAATGGGA	840
	ACAATTCCAA	GCTTTCCAAA	ATCAACAAAA	CCAACAGAAC	CAGCAATACG	GACAAAAGAA	900
5	ATCTAAAAAA	GGATGGTTCT	GGGGCTGTGG	TGGTTGTCTA	GTATTATTTA	TTTTAATTAT	960
	CATCGGTATT	TCAGCTTGTA	CAGCTGGTAT	TACAGGTAAC	CTTGGCGGAA	ATAGTTCTAA	1020
	AGAAACGAAC	AAAACCCATA	AAATCGGTGa	AACTGTTAAA	AATGGCGACC	TTGAAGTCAC	1080
10	TGTAAATTCA	GTGGAAACTA	TGAAATCTGT	AGGACCATCT	CTTGCACCAA	CAAACGCTAA	1140
	AGGTATATTT	GTCGTTGCTG	ATGTGACGAT	TAAAAACAAA	GGTAAAGAAG	CGTTAACAAT	1200
15	TGATAGTTCA	ATGTTTAAGC	TAAATCCGG	TGATAAAACA	TTTGAAGCAG	ATAATACAGG	1260
	TTCAATGTCT	GCTAATCAAA	GTGACAATGG	TAGTATAGAA	AATTCATTTT	TCTTACAGCG	1320
	TATAAATCCA	GATAGCACTG	CTCAAGGTAA	AATTGTTTcG	ATGTGTCAGA	AAACATAGCC	1380
20	AACGCAAAaG	ATAAAAAATT	AGAAGTTATT	TCTAGTTTAT	TTAGCGTCAA	GAAGATTACA	1440
	TTTGATTTAT	CCGATGCTAA	AAAAACATCA	AAAGCTAAAA	AAGACAAGCA	AGATACAGAA	1500
	GTAGCTGTTG	CGAGTTCAAA	TAGCGATAAT	GTAAGTTATG	AAGCTTCGGC	TACTACACCT	1560
25	GcTACAACCTT	CTAGTGCGGA	TACTGATTCT	GAAGATAGCG	AAAAGTCTAG	TAAAGATGAG	1620
	GATAAGCAGA	ATGCGTCTAA	AaGTGATAAA	TCTAGTGTAG	AAAAAAGTGA	ATCTAATGAG	1680
	GAAACTGCTC	CTGTAGAGCC	CATGCCCCAT	AGCAAACCTA	CCACTAGTGA	aGCACCACCT	1740
30	AGCCAAAATA	TTCACAaTGa	AGATAGCmTG	TACGACGCTT	CAACAGAATA	AAATtnyCAG	1800
	tAGCTCGGCT	ACCCTTCTTT	TACGGAAAAA	TTAATTATAC	ATAATCaAAT	CaAGGAGATA	1860
35	AAAAAATGAA	ATTCAAAGCT	ATCGTTGCAA	TCACATTATC	aTTGTCACTA	TTAACTGCCT	1920
	GTGGTGCTAA	TCAACATAAA	GAAAATAGTA	GTAAATCAAA	TGACACTAAT	AAAAAGACGC	1980
	AACAaACTGA	CAACACTACA	CAGTCAAATA	CAGAAAAGCA	AATGACACCA	CAAGAAGCCG	2040
40	AAGATATAGT	TCGAAACGAT	TACAAAGCAA	GAGGCGTTAA	TGAATATCAA	ACATTAAATT	2100
	ATAAAACAAA	TCTTGAACGA	AGCAATGAAC	ATGAATATTA	TGTTGAACAT	CTAGTCCGCG	2160
	ATGCAGTTGG	CACACCATTA	AAACGTTGTG	CTATTGTTAA	TCGACACAAT	GGCACAATTA	2220
45	TTAATATTTT	TGATGATATG	TCAGAAAAAG	ACAAAGAAGA	ATTTGAAGCA	TTTAAAAAGA	2280
	GAAGCCCTAA	ATACAATCCA	GGTATGAACA	ATCATGATGA	AACAGATGGT	GAGTCAGAAG	2340
50	ACATTCAACA	TCATGACATT	GATAATAACA	AAGCAATTCA	AAATGACATA	CCAGATCAAA	2400
	AAGTCGACGA	TAAAAATGAT	AAAAATGCTG	TTAATAAAGA	AGAAAAACAT	GATAATGGGG	2460
55	CAAATAATTC	TGAAGAACT	AAAGTTAAAT	AATGGCATAc	TTTGATTAAT	CGTAATTTTT	2520

	ACTATGCATG GTCTTTTAA TCAACTTAAA CTCGGCATT TTTCAATCGA AAACGCAGAG	2640
	CATACGCTTT TTACACCTTA TATGTTGGAA ACGCTCTCTT CCCTAGGCGT GAAAGACAGC	2700
5	ATTGTCGATT TAATTCATAA AGGGACTGAA TTAGAAGACT TTGCGGCATT TAATTTATCA	2760
	ATTGAAGACA CAGTTACAGT CTGTTTACAA AGAACTGAAG AACTATTAAA ACAATACAAA	2820
10	AATGTGGAAT TCAATGACAA AATATTAATC AATTGGCGTA TTATACAAGA GAAATAGACA	2880
	TATAAAAGTC GAATGTAACt ACGTGAGTAT TGATTTTATT CTTTGTAAT TACAAGCATT	2940
	TCATATTATA AAGTTTGAAA AGAGGTATAT TGAAATGGAG AAAAATGAAT ATATAGCTAA	3000
15	ATATAATGAA TATAGTCAAT TATTAGACGC TACATACTCG CAAGCTGTAG CATmCCTTTT	3060
	AAGtAAATaT GGCGCTGTAA CCGATGATTA TTATAAGaa AAATCATACA CGCGATTTTT	3120
	AAAtGGAGnA ATCAAAAGTA TTTCAAAAGG AAAATACACT AGAGCTAGCG AaGGATTATA	3180
20	TTGCCATCAT ATAAGCGAGG ACAAATTCCA AAATCTATCT GATCTAAGAT TCATtTCCAA	3240
	ATTTAAGTAC TCATACGACG TTCAAAAGAA AGAAACTTA GTGTACTGTG ATCTAATCGA	3300
	GCATTTAATT TTACATGCAA TTATTACAAA AGAATCCCAT GGCCAATTTG GTGTAGCTGG	3360
25	ATTATGTCAA ATGATCAAAC CAACAGTCAT TGATTGGTAC ATTGGCGAAT ATAATCCAAA	3420
	ACCAGCATGG ATGCAAGCCA CCAAAGCAGC TGCCTATTTG CCTGGAATAT TAGTAGAGAA	3480
30	ATTACTCATT AAAATTGACG ATATGTTAAA AGGAATAGAA ATATAAGATT TCCTTGAGTC	3540
	TAGATAAATG ATTAATGTAG ATTTATTTTT TGCTGTTGAG ATTTTGTTAT AGATGTTTAA	3600
	ACCTGTAATT AAATATATTT TATAAAATAG ACCACGCATA CCTATCTATA AACGGrCAAT	3660
35	GTTTATAAAT GAGTTTGCAT GGtCTTGAAT TGTATTAAAT TTCTTTTGGT TTAAATAAAT	3720
	CGACTAGATT TTCACAATAT TTATCAAATA TGTATTCCTA AATTATACAG CCTTAATCCA	3780
	GCAGtIACTT TCGAAACTTC CAACTTAGTT GATATAAGGT TCAATAGTTT GTTTCGTTCT	3840
40	TTTTCAGATA AACCAGAACT TAAATTGATA TTATTGACTT CATAAAAATT ATAGACTAAT	3900
	GCCTCTATTT GCTTTTTAGG CATAAGTAAG TCGACTGAAA ACTGATTTAC GTCGCTTTCA	3960
	TAAATCATTT CATGTAAATT CTTTAGACTA TTATCGTTAC TATCTCTCAT TAAGTCTGTA	4020
45	TTTTTAAATA AATAACGGCC CAATTCACGA GCTATTGAAA ATCTTGTATT ATTAATCGAG	4080
	TGATTATTAT TAATATAGAT TGTTCTTCCA CTAAATAAC CCGAAGTATT ACCCTCCATT	4140
50	TTAATATATC TAACATTTAA ATTAAGTTGA AATAATAGCT TGTCTATGTC AATAGCAAAG	4200
	TGTTCAGAAG TAATAAAAAG TTGATCCATT TTGTCCTTTA TAAATGCCTG AAATAATCGA	4260
	ACTATTTTTG ATTCTAAAAT ATCTTCATAA TGAACTTTCT CAATAACTTT CAATTGATTC	4320
55		

AACATTATTA AAATAAAACC CCTCTACTAC TATATGTAAC GAAGGGACAT GATTTCAAAA 4440  
TAAAATACCT TTTTATAAA TnTATTATAA TATCCCCAC TATACnAC 4488

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 229:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 846 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 229:

TATGGCGCCA TATTAGTTGT AACTGGTTTA AGAGGTCcAa GAAaTATCaA ATAAAGTTGT 60  
tCCTGGGCTT GGTACTGTTA TCTCaATATT GmWIGCaTTT GGTGGTCTAG CTTTAAATAT 120  
TGGTAATATT GCTGGTGCCG GTTTAGGTTT AAATGCAATT TTTGGATTAG ATGTAAAATG 180  
GGGCGCAGCT ATTACTGCAA TCTTTGCAAT ATTAATCTTT GTAAGTAAAA GTGGCCAAAA 240  
AATTATGGAC GTTGTTCaA TGATTCTTGG TATTGTGATG ATTTTAGTTG TGGCATATGT 300  
GATGTTTGTT TCTAATCCAC CTTATGGTGA TGCTTTTG TG CATACATTTG CGCCAGAACA 360  
TCCAATGAAA TTAGTCTTGC CCATCATTAC GTTAGTTGGT GGAaCTGTar GTGGTTATAT 420  
TACCTTTGCA GGTGCACATC GTATATTAGA CTCTGGCATT AAAGGTAAGC AATATTTACC 480  
ATTTGTAAAT CAATCAGCAA TTGCTGGTAT TTAACTACA GGTATTATGA GAACGTTACT 540  
ATTCCTAGCG GTATTAGGAG TTGTTGTAAC AGGTGTGACA CTAAGTTCTG AAAATCCACC 600  
AGCGTCAGTT TTTGAACACG CAATTGGACC AATTGGAAAG AATATTTTGT GTATTGTGTT 660  
ATTTGCTGCA GCTATGTCAT CAGTAATTGG CTCAGCATAC ACAAGCGCAA CATTTTAAA 720  
AACaTTTCAT AAATCACTTA ACGAAAGAAG TAATTTAATT GTGATTGTGT TTATCGTTAT 780  
TTCAACAATG ATTTTCTTAT TTATTGGAAA ACCAATCAGC CTTTAAATTA TAGCAGGCGC 840  
GATAAA 846

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 230:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2072 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 230:

TCTTTTAAA AGGTACTAAT ATTTCTTTAG TGAAAATTGA ATCACGGTCG TTTATTGGTG 120  
 CCTTGAGTAT ATTATTATAG ACGGAATCTG ATCTAATAAT ATTGATTTTA TACATGATAA 180  
 5 ACCTCCTTAT GTTGTCAGCA TAAAGGATAA CGTAACGTGA TTTTCAAGCA GTAATTGTAA 240  
 CTAATTGAmA AAAATTAAGA AAAGTATGTG AGTGTTCTTA AwTAATATGa TTAAAATGAT 300  
 GGCGAATAAG TGTCTaAAAG CATCTTAAAG GGACATTGTA TAGGGTAAAT CACTTCATAA 360  
 10 ATAAGGGaAA ATCCTTATGT TCACTTTTTC ACAATCATnA TAAAATATAT ATGTAGTCAA 420  
 TACTTTGTCT ATATTGAATG TTTTCATATA AATGAAAGCA TTTTAAATA ACATTGACCT 480  
 CTAATATATA GGCAGAGTAT TGATATCTAT TAAAAAATAA ATGATTTTGA TGAAGGTGAA 540  
 15 ACGTATGTAC AAAACAAAAG GTGGCTTTCA ACTTACATTA CAAACATTAA GTTTAGTGGT 600  
 TGGGTTTATG GCTTGGAGTA TAATTGCGCC ATTAATGCCC TTTATTAAAC AAGATGTCAA 660  
 20 TGTTACTGAA GGTCAAATAT CAATCATTTT AGCGATACCA GTTATTTTGG GATCGGTGCT 720  
 CCGTGTGCCA TTTGGTTATT TAACAAACAT TGTTGGCGCT AAATGGGTAT TCTTTACTAG 780  
 TTTTATCGTA TTGTTATTCC CGATATTTTT CTTAAGCCAA GCACAAACAC CGGGTATGTT 840  
 25 AATGGCTTCA GGATTTTTC TGGTGTAGG TGGTGCAATT TTCTCAGTTG GTGTTACATC 900  
 AGTTCCTAAA TATTTCCCTA AAGAAAAAGT AGGTCTAGCA AATGGTATTT ATGGTATGGG 960  
 AAATATCGGT ACAGCAGTTT CTTCATTTTT AGCACCACCG ATAGCGGGTA TTATTGGTTG 1020  
 30 GCAAACAACA GTTAGAAGTT ACTTAATTAT TATCGCTTTA TTTGCATTAA TTATGTTTCAT 1080  
 TTTTGGTGAC ACACAAGAAC GTAAAATTAA AGTACCATTA ATGGCtCAA TGAAAmCATT 1140  
 ATCTAAAAAC TACAAATTAT ATTACTTAAG TTATTGGTAT TTTATTACTT TTGGTGCTTT 1200  
 TGTAGCATTT GGTATTTTCT TACCTAACTA CTTAGTAAAT CATTTTGGAA TTGACAAAGT 1260  
 AGATgCTGGT ATTCGATCAG GTGTATTCAT TGCGCTGGCA ACATTCTTAA GACCAATAGG 1320  
 40 TGGCATTTTA GGTGATAAAT TTAATGCAGT TAAAGTATTG ATGATTGATT TTGTTGTTAT 1380  
 GATTATCGGT GCCATTATTT TAGGTATTTT AGACCATATC GCATTATTCA CTGTAGGCTG 1440  
 TTTAACAATA AGTATTTGTG CAGGTATTGG TAACGGCTTA ATCTTCAAAT TAGTACCATC 1500  
 45 ATACTTCTTA AATGAAGCGG GATCCGCAA TGGTATCGTA TCAATGATGG GTGGTTTAGG 1560  
 AGGATTCTTC CCACCACTAG TAATCACGTA CGTAGCTAAT TTAACAGGAT CAAGTCATTT 1620  
 AGCATTTATT TTCTTAGCGG TATTnGGAnG TATTGCATTA TTTACCATGC GTCATTTATA 1680  
 50 CCAAAAAGAA TATGGCTCAT TGAAaAACGG TTGATATGTA ATACATGCCA TTcATTTAGT 1740  
 TAAATACAAA GCCTTaATAT CATGCGCAAT ATTCGTAGCA TGACATTAAG GCTTTAGTAG 1800

55

CTTGGTTTGA TTTTAGGCAA GGTAATGGTT AATAACCCAT TTTCAAAACT AGCAGTAATA 1920  
 TGTTGCTTAT CAACAGCTTC AAAATCAAAT TGACGCATTA ATGATTGCGAA GTTACGCTCA 1980  
 5 TCTAAAATGA GTTGTTCAGA TTTGTATTTT GCGCTTCTAG TAGCTTGAAT AGTGAGCGWA 2040  
 TTAttATTGA AATCgATACT AATAtCTccc TG 2072

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 231:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3159 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 15 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 231:

20 CGTCTTCTCT TGGTTATTCT CTGTGTTTGG TCTTTGTTCA AATTCGATTT TTTGTTGTTT 60  
 GAATGAATGT AATACTTTAT TTTTTTTTGG CACATAATCC AAGTnATTTT TAGGAATTAA 120  
 TATACGGTCT TTAAATGCTT CTGTATTTT GCTCACAATC AATTGGTATA GTTGCTCTTC 180  
 25 TTTTGATAAA CGCACTTCTA GTTTTGTTGG ATGAACATTT ACGTCTACTA AGATTGGATC 240  
 CATTTCAATA TTAATATAAC AAATCGGGAA CCTACCTATT GTTAAGAGTG TATGATAGCC 300  
 TTCTAAAATC GCTTTATTTA GCATAAAGTT TTTAATGTAT CGTCCATTAA TAAAAATAGA 360  
 30 AATATAGTGC TTATTACTTC TAGAATGTTT AGGCTTTGCA ACAAACCTT CAATGTGATA 420  
 ATCACTTGTA TCTCCAGATA TATGTACTAA ATCTCGTGCA ACTTTCATCC CATAAATCTC 480  
 TGCCATCACT TCATTAGTTC GTCCTGAACC ATTTGTACTT AACATTGTTT TGCCATCTGA 540  
 AATGAGTGCT ATTCGAATGT CCGGATGGCT CATTGCCATT CTGTTGACAA TATCTGTTAT 600  
 TTTACCTAGT TCAGTGTATA AACTTTTAAT ATATTTTAAA CGTGCTGGTG TATTATAAAA 660  
 40 TAATGATTCT ACAAGTATAT CTGTTCCCTT TTTGCTTTT GCAGGCTTAT GATTTAATAT 720  
 TTCACCATT TCTACATATA TTTCAATTCC ATTAGCATT TCCGTGCAAG TCTTCAATGT 780  
 TACTTTAGCA ACTGATGAAA TACTGGCTAG TGCTTCACCA CGGAATCCTA ATGTCCTAAT 840  
 45 ATGAAATAAA TCTTCATCTT GATCTAATTT ACTAGTCGCA TGTCTATGAA ATACTAATCC 900  
 TAAGTCTTCC GCTTCAATTC CGCTTCCATT ATCGACTACG CGAATAGATT GGACGCCAGA 960  
 50 TCCTCTACT TCAATGCTTA TTTCTGTAGC GCCTGCATCT ATAGCATTTT CCAACAGTTC 1020  
 TTTCAACA GAACTCGGTC TTTCAACTAC TTCACCTGCT GCGATTTTAT TTGCTAATGA 1080  
 GGTTTGGAGT TCTTTAATTT TCCCCATTTT GCAACACCTC TATTTTAATT GATTTTGTA 1140



	TTGTAGTTCA ATCTCGCTTT TTTGATCATT TTCAAACAAA TCAAATGATG CyTGTTCAAA	1260
	GTCTTTTGA GATAAAGTAT CaGTTGTTTC TTCaACACTT aAGTTTAAAT TTTCTTGATT	1320
5	AATTTCCAGG TTCATTTTCG ACCATTTTTA AATTTGATAT CGATGATtTT TCACCAGCAG	1380
	ACGCTTCAAA CTCGCTTAGA ATCACTTG TG CTCTGCTAAT AACTTTTTC A GGTAATCAG	1440
10	CTAATTTTCG AACTTGAATA CCATAAtATC GTCAACTGCA CCATCTTTGA CTTTATGCAA	1500
	GAATATAAGT TCACCTTTAT ATTCAATTAGC AGCGACGTGA ACATTTTTTTA GACTTGGTAA	1560
	TGCTTGATCT AATGTTGTCA ATTCATGATA ATGTGTTGAA AATAACGTTT TAGCATGTGA	1620
15	TGTTTCAGCT ACATACTCTA TCATTGCCTG CGCTAAAGCT AAACCGTCAT ACGTTGAAGT	1680
	ACCACGTCCA ATTTATCGA AAATAATCAA ACTATCCTCT GTTGCAATAAG TTAATGCCTT	1740
	TTGTGCTTCT AGCATTTCTA CCATAAACGT ACTCTTACCT GAAACCAAAT CATCTGCCGC	1800
20	ACCTATTCTA GTGAATATTT GATCAAATAT AGGTAACACT GCCTCTTTAC AAGGGACATA	1860
	AGCTCCCATT TGGGCCATTA TACTAATTAT GGCAACTTGT CTCATATATG TCGATTTACC	1920
	AGACATATTC GGACCTGTAA TTAAATATAT AAATGTTTCA TTATCTAATC GACAATTATT	1980
25	AGGCACATAG TCATTATAAT CCATTACTCT TTCCACTACT GGGTGCCTAG ATTCCACTAA	2040
	TTCTAATGTT TTATTTTCAC TAAATGAAGG CCTAGTGTA TTATATTTTT GAGCAATTTC	2100
30	TGCAAAGCTC TGTAACAAT CTAGCTCTGA AATAATTTTA GCTTGTTGTT GTAAACGTTT	2160
	AGTATATTTT TTAACCTCTT CACGTAGCTG AACAAATAAT TGATATTCTA ATTCGATGGC	2220
	TTTGTCTTCC GCACCTAAAA TGATATCTTC TTTTCTTTA AGTTCATCAG TTATAAAACG	2280
35	TTCAGCATTC GATAACGTTT GCTTCCTCAT ATAACCAAAT TCACTTGGTT CAAAATTTTG	2340
	CAAGTTGGCA CGTGTTATTT CTATAAAATA ACCAAACACT TTATTAAAGC TTATTTTCAA	2400
	TGATTTTATT CCTGTACGTT GTCTTTCTTT GGCTTGTAAT TCTGCTAACC ATGTTTTTCC	2460
40	GTTTTTTGAA GCTTCAAGAT ATTCATCTAA TTGCGTATTA AAACCAACTT TGAATAGTCC	2520
	GCCATCTTTA ACTGAAATTG GTGGTTCTTC TACTAAACTC TGTTCTAATA TATCAAGTAA	2580
	ATCATCaAGG GGTCTAGTT GATTAACCTG TACAAGAGTA TTCTGATTCA TAGAATTTAG	2640
45	TAATGCTTTA ATATTCGGTA TTTCAGAAAT GGAATGTTTA AGTTGAATTA AATCTCTCGC	2700
	ATTAACATTT CCGTAACTAA CACGCCCAAC AAGACGTTCA ATATCATACA CTTGATTAAG	2760
50	ATATGTTCTT AAGGTGTCTC TTTCTATGAA ATGAGCACTA AATTCATCAA CGATATCTAA	2820
	TCGTGCTTCA ATTTGTTCTT TACTTATTAG TGGTCTATCT ATCCATTGTT TTAAGCGGCG	2880
55	TGCTCCCATT GGTGTTTTCG TTTCGTCCAT TAGCCAAAGT AGCGTTCCTT TTTTGTATT	2940

ATCTATAGCT GCATATTGAA CAACATCCTC GATATGCGAT AAATCACGTT TTTGTGTATG 3060  
 ATGAATATAA TCTAGCAATA ATTGTGTCGC TTGATACaTT AATTTATGTT CAGTTTGATT 3120  
 5 CACACTATAG ATTtCTGATG ATAACGTTTC CCTGACTGT 3159

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 232:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1238 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 232:

TAAGCGAGAA GCAATTGGTG TTATGTATGC TAGTGATAAA CCAACAGGTG AAAGTACAAG 60  
 20 GTCATTTGCT GTTTATTTCT CTCCTGAAAT TAAGAAATTT ATTGCAGATA ATTTAGATAA 120  
 ATAAATCATC CATCCATACA TTGATAAATG ATTTTyAGAA ATTAACAACA AAATCAACAA 180  
 TTTTAAACAT CTCTGTGATT CTATTTATTC GAAATGATTT AAAAAATAAA ACTTCAAAAA 240  
 25 CCTAACCTTA TATTTATACG AATACTTAGA GGAGCACAAA AATGAATAAA AATATAATCA 300  
 TCAAAAGTAT TGCAGCATTG ACGATTTTAA CATCAGTGAC TGGCGTCGGC ACAACAGTGG 360  
 TTGAGGGTAT TCAACAAACG GCTAAAGCTG AACATAATGT GAAACTAATC AAAAATACTA 420  
 30 ATGTAGCACC ATACAATGGT GTCGTTTCGA TAGGATCTGG AACAGGTTTC ATTGTCGGTA 480  
 AAAATACAAT TGTTACCAAC AAGCATGTCG TTGCAGGTAT GGAAATTGGT GCACATATTA 540  
 TAGCGCATCC CAATGGTGAA TATAATAATG GCGGATTTTA TAAAGTTAAA AAAATTGTCC 600  
 35 GTTATTCAGG TCAAGAAGAT ATTGCCATTC TACATGTGGA AGATAAAGCT GTTCATCCAA 660  
 AAAACAGGAA TTTTAAAGAT TACACAGGCA TTTTAAAAAT AGCATCAGAA GCTAAAGAAA 720  
 40 ATGAACGCAT TTCAATTGTT GGCTATCCAG AACCATATAT AAATAAATTT CAAATGTATG 780  
 AGTCAACAGG AAAAGTGCTG TCAGTTAAAG GCAACATGAT TATTACTGAT GCTTTCGTAG 840  
 AACCAGGCAA CTCAGGTTCa GCTGTATTTA ACAGTAAATA CGAaGTtGTA GGTGTTCACT 900  
 45 TTGGTGGAAA CGGCCCTGGA AATAAAAGTA CAAAAGGATA TGGTGTtTAT TTCTCTCCTG 960  
 AAATTAAGAA ATTCATTGCA GATAACACAG ATAAATAAAT CCTTACATAG ATAAATGATT 1020  
 50 TTAAAAATTA ACAACAAACT CAACaATTCA AATCATCTCT GTGATTCCAT TTATTCGAAA 1080  
 TGATTAAAAA AAATAAAACT TCAAAAAGCT AACATTATAA TTATACAAAT ACTTAGAGGA 1140  
 GCAGAAAAAT GaATAAAAAT ATAATCATCA AAAGTATTGC AGCATTGGAC GATTTTTTAAC 1200

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 233:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 6444 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 233:

	TGATAAGTCA TTAAATTGT CACCTATTGA CATGACTTCT TTCATTTCAA TCCCTAATCT	60
15	TTCGGCAATT GTTCTAGCG CAATACCTTT TTGTGCATCT GAATGCGTTA TTTCTATATT	120
	TCCTCTCGAA GATGATGATA TAGCTAAATT CGGAGAKTCA GCTAAAATTT TACTAGCTTT	180
	GTCAATTTTT TCTAAATTC CATCAAATGC TAATATTTTC ATAATTAATT CACCAGGTAT	240
20	GTTTTCAATA GCATCATAAT TATCAACAAC TTTCAACGTA CCATTATCTA TGCGTCTTTG	300
	AATACCATTT TTAATACGCT CAACGTTTGC ATGTTGACCT GCACGCTCAG CAATATCTAT	360
	GTAAATGTCT AAATCTCTTT GTGGATCTTC AGTATAAATC GCACGACTCG TGTATACTTG	420
25	ATAATAAATA CCTGCATCTT TAAAACATT TGTAATTTTG TGTACTAACG ATTTATTAAG	480
	GTGTGAAGTG CTCATTACAT TGAAAGTTTC ATCACGTACT TCAGCACCAT TCAAACAAAT	540
30	ATATGGTACT GTTAAATCTG TGTCAGCAAC TGGTGCTTGk GCTTCATAAA ATGCTCGACC	600
	TGTCGCGATA ACAACCGTTA TCCCTTGTTT TTGAGCGTAT TTAATCGCAT CAATATTAGG	660
	TTGAGAAATT TCATGTGCTG CATTAAAGTAG CGTGCCATCC ATATCAGTGG CTATTAGTTT	720
35	TATCATTATG TnACCTCGTT TCGTAAATnT AAAATCTTGT TCTTAAATAA GrATATATAC	780
	TCAGCGCACA TACTTTtCTA TTAmCATTtTA TATkGTCATT aATTTATCAT ATAATGTAAT	840
	TCTaACAAAT nTTAAcTAGT ATGTACTATC GTCTAATTGG TGGATTTCTT ATTGGCTCTT	900
40	AAgTTTTTAA AAAATGTTGT TAATAATGTG CTACATGCTT CTTTAAGTAC ACCTTTATCA	960
	ACAATTGCAC GATGATTAAA ATTAGATTGT TGCAATAAAT TCATTAAACT GCcACTACAA	1020
	CCACCTTTAG GATCATCTGC GCCATAGACG ACTCTTGGAA TGCGACTCAT TACAATTGTT	1080
45	CCTGCGCACA TGACACATGG TTCTAAGGTT ACATATAATG TGCAACCTTC TAAACGCCAA	1140
	CTACCTAACA CTTTGGCTGC ACGTTCAATT GCAATATGTT CAGCATGCGC CGTTGGTTGT	1200
50	TGTAGTGTTT CTCTTaAATT ATGTGCTCTA GCGATAACTT CATCATCTTT AGTGATGATA	1260
	GCACCTATAG GTACTTCGCC TAGTTGAGCT GCTTTTTTAG CTTCTTCAAT CGCTAATGTC	1320
	ATAAAATATA TATCATTTGT CATTTATGTC CAGATACCTC ACTTATGGTA CAATACTCAA	1380

	CTATTGGCGT AGGTAAATCT TCACTTGCAC ACAAATTAAG TCAAACCTTA GATTTTATG	1500
	AAGAAAAAGA AATCATCACA GAAATCCAT TTTTATCAGA CTTTATGAA GATATCTCTA	1560
5	AATGGAGTTT TCAAACGAA ATGTTCTTTT TATGCAATAG ATATAAGCAA TTTCAAGATG	1620
	TAACACAACCT AAATCAAGGT GTAGTTAGTG ATTATCATAT ACATAAAAAT AAGATATTTG	1680
	CTAAAAATAC TTTGAGTTCT GTTGAATTC AGAAATTCAG TAAATTTTAT GATATTTTAA	1740
10	CTGAAGATAT GATTATGCCG AATATGATTA TCTTTTATAGA TGCAGACCTT GATGTGTAA	1800
	AATCTAGAAT TGCTAAACGT AACCGTAGTT TTGAGCATCA AATAGAAgTG AtActGTaAg	1860
	TTAAAAAAG ATTATCGTGA GTATTATGAG TCCTTACAAA GTAATGGTTC AAATGTAGTT	1920
15	TTAATCGATA CnACTTCTAT TGATTTTCTT AAAAATGAAC AAGATTACGA AGATATATTA	1980
	CATATTATAT TACCTATGAT AGGAGATATT ACCAATGAAT AATTACGGTA TTCCACAAAA	2040
20	TGCCATTATA ACCATTGCAG GTACAGTTGG TGTTGGAAAA TCAACACTAA sGCAAGCACT	2100
	TGCAGATAAA TTAAACCTTA AAACGTCTTT TGAAAATGTC GAACATAATC CATATTTAGA	2160
	TAAATTTTAC AGCGATTTTG AACGATGGAG TTTCCATTG CAAATTTACT TCTTAGCTGA	2220
25	ACGTTTTTAA GAACAAAAGC GTATGTTTGA ATATGGTGGT GGCTTTGTCC AAGATCGATC	2280
	AATTTATGAA GATGTTGATA TTTTIGCAAA AATGCATGAA GAAGAAGGCA CAATGAGTAA	2340
	AGAAGATTC AAAACATATT CAGACTTATT TAATGCCATG GTCATGACAC CTTATTTTCC	2400
30	TAAACCTGAT GTAATGATTT ATTTAgAATG TAACTATGAT GAGGTCATTG ATCGTATTAT	2460
	TGAACGTGGT CGCGAAATGG AAATTAATAC AGACCCTGAA TACTGGAAAA AGCTATTTAA	2520
35	ACGCTATGAC GATTGGATTA ATAGCTTTAA TGCATGTCCA GTTGTACGTA TCAATATTAA	2580
	TGAATATGAT ATCCATAAGG ACCCCGAATC TTAAATCCT ATGATAAACA AAATTGCTCG	2640
	AATTATTCAA ACATATCGAC AAGTAGATAC ACGATAAAAG ACTAAAGACA TAGCGTATAT	2700
40	GTTTATATTC AATGTATATT CCATAGATAT TATCGATTAT TTTATCAATT CTATCGAATA	2760
	CATTAATTCA CATATACACT ATGTCTTTCT TTTAATTTA AAGCTTCTAA AATATCTGCC	2820
	GCACTATTTA AAATAATATC AGCTTCATGT AATTCTTCTT TTGTTGCAAT ACCTGTTAAT	2880
45	ACACCTATTG CCATACCTAA ATTTGCATTA CTTGCTGTCT TCATATCATT AGCAGTGTCT	2940
	CCTACTATAG CTACTTTCTG AGGATCTACA TTATATTGCT CAAATAAAGG CGATAATACT	3000
	TTAGGATTTG GCTTCTCATA GGCATCCGCT TCGGTAGAAA TGATCAAATC GAACAACGAG	3060
50	GTAGCATTGG TATGTGCTAA AAATTGTTCT ACACCTTTTT TAGTATCACT CGTAACAATA	3120
	CCAAGTTGAT AGCCTTTTGC TTTCAAATCG ATAAGTGCTT CTTTAACACC TTCTACCCAA	3180

55

	GTATCTTGTC CCGTCACATC ATTAAATGCC TGGATAATTT GTTGTAAGA TCCTGAACCC	3300
	ATCACTGATT TTGGATCAAT AGATTCTTTA ATGACACCGA GTTGTCTTAA AGCAGCTTCT	3360
5	TTATTATGTA CTGGGAAAGT CTCAAGCAAT GATTGTACAA ATCGTACCCC TATTTTTTCC	3420
	CAACTTCTAT CAAATTCAAT TAACGTACCA TCTTTATCAA ATAATATCCA TTCCATTGaT	3480
10	ATCAATACTC CTATTTATTT ATTTTCGTATT ATGCTGATTG TATGATATTC GTTATCCCCT	3540
	GAAAATGAAC TCGTAGTATT GTTCTATTTA AATATTGaAT TAAATATAAT AATAAGTGAA	3600
	ATCCCCTTCA ATACTTAACA ATAAACATTG TAAACTTAAT TTATTACCAT GCTTCGCTTC	3660
15	ATTGAAAGGG ATTTTAGTCA TGATTAACTT TTGCATATTG TTTTCATGAT TATATTCAAT	3720
	TTTTATTAAT ATTTTGGTAC AACGACTCTC CAACCATTTT TATCTTCTAA AGTACCATTT	3780
	TGAATACCAG TATAGACGTC GTATAATTTT TGAGTAATTT CACCAGTCTC ATTATTATTA	3840
20	ATAACGATTT CACGATCTTC GTATCTCAAT GTACCCACAG GTGAAATAAC TGCTGCAGTA	3900
	CCACTACCAA ATACTTCTGT TAACTCACCT TTATCATATG ATTCGAATAA TTCATCGATT	3960
	GAAACGCGGC GCTCTTCGAC TTCATATCCT AAGTTTTTAG CTAATTCGAT AATAGATTTA	4020
25	CGTGTAATAC CAGGTAAAAT ACTGCCATTG AACTCTGGTG TAATTACTTT GCCATTTTCA	4080
	ACGAAGAAAA TGTTTCATGCT ACCAACTTCT TCGATATATT TCTGTTCAAC ACCATCAAGC	4140
30	CATAATACTT GGTCATAACC TAATTTATTT GCATTAGTTT GTGCTAATAA ACTTGcCGCA	4200
	TAGTTACCTG CAACTTTTGC AAAGCCTACA CCGCCACGaA CAGCACGCAC ATATTCATCT	4260
	TCTACATAGA TTTTAGTTGG TTTTAAAGTT TCACCACCAT AATATGCACC TGAAGGAGAT	4320
35	AAAATAATTA ATAATTTATA CTGATGTGAT GCACCAACGC CAAGTGCCCC TTCTGTTGCA	4380
	AAAACAAATG GACGAATATA TAATGATTGA CCTTCCCCTT CAGGAATCCA ATCTCTTTCA	4440
	ATATcAACTA ATTGTTTTAG CCCCTCTAAC AATTCTGCTT CGTCTACTTG AGGCATTTCT	4500
40	AATCGTGCTA ACGAGTTATT AAGACGCTTA AAATTTTCTT CAGGACGGAA AAGTGCAACT	4560
	TCCCCATCTC TTTTATATGC TTTTAATCCT TCGAATACCG ATTGACCATA ATGAACACCT	4620
	TGTGCAGCAG GTGAAATTTT AATAGGACCA TAAGGTACTA TCTTCAAATC ATGCCATCCT	4680
45	TTATCTGCAT CATAATCATA ACTCAACATA TAATCAGTAA AATATTTACC AAAACCTAGT	4740
	TGAGATGTAT TTGGTTTTTG TTTTAATGTT TCTCGTCGTT CAACTTTAAC TGCTTGTGAC	4800
50	ATGGTGATTG CCTCCTAATA ATATTGTATA AGAATTTGTT TAACTTAAAT TATAACAATC	4860
	CaTATTTTGC TGTTCAACAA ATTTTCTAAA AATTCAAAT TAATTAACAG ATTTCTAGAA	4920
55	AGACTATATC TTTTAGTATA AACGTATTAA TTTCACAGAG ACAAGTAATC TGTGTTTTAC	4980



TAAGTATAAT GAATAATATT AGAATTCATG CACTAGTTTA TTAAAATAAA GAGTAATTTA 5100  
 AAATATCATT CCGTGTATTA AAGTGAATGG AAATGATTAG TTATTATTTT TAACAGTATC 5160  
 5 TTTTGTTC AATAGCTTCTA ACATTAATTT AGTCATGCTC GCTAAATCAT ATTTAGGATC 5220  
 AAATCCCCAT TCGCCACGTG AACAGCTTGT ATCAATAGAA TCCGGCCAAC TATTAGCGAT 5280  
 ACCTTGCTCTA ATAGGATCAA CATCGTAATC TAATGTAAAA TTGGGATAGT ATTCTTGAAT 5340  
 10 TGCTTCTTTT ACCATCTCTG GATCAAAACT CATTGCGCTC AAATTATAAC CATTTCTAGT 5400  
 TTCTAATTTA GCGTCGTCTG CTTCCATAAG TTAAATAATT GCTTCAATTG CATCATCCAT 5460  
 ATACATCATA TCCATATACG TGCCTTTATC TATGAAGCTT GTATAATGAC CCTCTCTTAC 5520  
 15 TGCTTTGAAG TATATTTCAA CAGCATAGTC TGTAGTACCG CCACCTGGCT CTTTAACATG 5580  
 CGAGATTAAA CCTGGGAATC TAACACTTCT TGTATCTACA CCAAACGTT TGAAATAGTA 5640  
 20 TTGACACAAT AATTCTCCAG CTACTTTATT TACACCATAC ATTGTCGTAG GTTGCTGAAT 5700  
 CGTTACTTGT GCGGTATTAA CTTTAGGAGT TGAGTCTCCA AATGCACCAA TTGAACTTGG 5760  
 TGTGAAAAAG TGCAAATTAT AAGTTCTTGC AGCTTCTAAT GCATTCATTA ATCCACCCAT 5820  
 25 ATTTAAATCC CAAGCTAGAA TTGGATTTT CTCAGCAGTT GCTGATAATA ATGCTGCCAT 5880  
 ATGCATTAGA CTATCCGCTT CAAAGTCCCT AACTAACTCA AACATACGGT CACGATCTGT 5940  
 TACGTCTAAG ATTTCAAATG GTCCATTTTG TACAGGTGAG TCTGCTTCAG GTTCCCTAAT 6000  
 30 ATCTGTAGCA AGAACATTAT CTGTCCCAT AATTTCTCTG CACTTAACAA CTAATTCTGT 6060  
 ACCAATTTGT CTAATGCAC CAGTAATCAT AATTTTMTTC ATAGAAATAT CTCCTTTGtC 6120  
 TCTTCTATAT AGCTATAGTC CATCACAAGC GGaCATAATA TTCATTTTCA TAATAATTAT 6180  
 35 AATATAAAAG CGCTTTCTTG TATATATGAC ATGTACATGT TGCTGATATk TCTGTAAATG 6240  
 GAAATTCTAG TTGTATTAAT TGATTTTAGT AATTTATAGC GTTTATTATT GCTAATTACT 6300  
 40 GtCAAATTAA ATTTTtATC CCTCAACTCT TAAACTCTGG ATATCTTTCA TTATATTAGC 6360  
 TTTTTTATAA CCATGGATAT CATGTAAAGC CTTATAAGCn TTAAATAATG TTTCATACCT 6420  
 TTGTACTTnT TCCGCTTCTG GATT 6444

45 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 234:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4721 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 50 (D) TOPOLOGY: linear

55

	GCCCATGAGA CAATTTTACT TGCTTTTCCC ATTGGTTATC ACGTTCTTAT TACATAGATT	60
	TAAACCGAGA AATATTATTC AAACGCTATT TATTGTATCG TTGATTTCTT TAGGACTTAT	120
5	GATAGTGATT CATTTCATCA CTGGAGATAA TTCACGTGTG TATTTTGGGA CAGATACACG	180
	ACTGCAAACT TTATTGCTTG GTTGTATATT AGCATTATTT TGGCCTCCGT TTGCTTTGAA	240
	AAAAGATATT TCTAAAAAGA TTGTCGTATC ATTAGATATT ATAGGGATAT CTGGTTTTGC	300
10	GGTTCTAATG ACTTTGTTCT TTATAGTTGG AGACCAAGAT CAATGGATCT ATAATGGAGG	360
	ATTTTACATT ATATCATTG CAACTTTATT CATTATTGCA ATTGCGGTAC ATCCTTCTAG	420
	TTTATTTGCT AAATTTTAA GTATGAAACC TTTACTAATT ATAGGTAAAC GATCATATAG	480
15	CTTATACTTA TGGCATTATC CTATCATTGT TTTTGTGAAC AGTTATTACG TACAAGGACA	540
	AATACCGGTA TACGTTTATA TTATAGAAAT TTTGTTAACA GCGTTAATGG CTGAAATTTT	600
20	GTATCGCTTT ATTGAAACAC CTATACGTAA AAAAGGATTT AAAGCTTTTG CATTTTACC	660
	TAAAAAGAAG GGGCAATTTG CTAGAACAGT GTTAGTTATC CTATTATTGG TTCCGTCTAT	720
	CGTTGTGCTC AGTGGACAGT TTGATGCACT TGGCAAACAA CATGAAGCCG AGAAGAAAGA	780
25	GAAGAAGACG GAATTTAAAA CAACGAAGAA AAAAGTCGTT AAAAAAGATA AGCAAGAGGA	840
	TAAGCAGACA GCGAATAGCA AAGAGGATAT TAAAAAGTCA TCACCACTAT TAATTGGTGA	900
	CTCGGTCATG GTGGATATTG GTAATGTCTT TACTAAGAAA ATACCAAATG CACAAATTGA	960
30	TGGTAAAGTT GGACGGCAAC TCGTTGATGC TACACCAATT GTGAAATCGC AATATAAAGA	1020
	CTATGCTAAA AAAGGTCAAA AAGTTGTAGT AGAGCTTGGT ACAAATGGGG CATTTACGAA	1080
	AGATCAATTA AATGAACTAT TGGATAGTTT TGGAAAAGCA GACATATATT TAGTTTCTAT	1140
35	TAGAGTACCT AGAGATTATG AAGGTAGAAT AAATAAATTA ATTTATGAGG CAGCTGAAAA	1200
	GCGCTCTAAT GTACATCTAG TCGATTGGTA TAAAGCTTCT GCAGGTCATC CGGAATACTT	1260
40	TGCATATGAC GGTATTCATC TAGAATATGC AGGTAGTAAA GCGCTGACTG ATTTGATTGT	1320
	AAAAACGATG GAAACACATG CTACAAATAA GAAATAATTT GATGCACTAA ACTTTTGAAA	1380
	TATTACATTA CTTCTGATAT TTATTATCAA AAATGATGTA TTTCATTAAA AGTTTAGTGC	1440
45	TTTTTTATTT TCAAATCCCA TAGTAACGGT GCAGAAAAAG TGTGTAAAC ATTCTAATTG	1500
	GTATATTACA TTCAATGAAG CTTTATTAGG AACAGATTAC ATTATGATAA CAAAGCCCGC	1560
	AAGACACCTA ATCTCTGTTA TAGTTTGTTT TGTCGCAAAA CTATAAAAGT TATAATTGTT	1620
50	TGCATACTAA AAAAATAAAA AATATAAAAT TTAAAATAAT TGAGTCGCTA ATGACTATAT	1680
	GTATAGAGTG TTTTGATTAT TGGGAGGATA TTTAATTATG AAAAAATCG TTACAGCTAC	1740

55

	ACAAAATAAC AATGGATATA ATTCTAATGA CGCTCAATCA TACAGCTATA CGTATACAAT	1860
	TGATGCACAA GGTAATTATC ATTACACTTG GACAGGAAAT TGGAATCCAA GTCAATTAAC	1920
5	GCAAAACAAC ACATACTACT ACAACAATA CAATACTTAT AGTTATAACA ATGCATCTTA	1980
	CAATAACTAC TATAATCATT CATATCAATA CAATAACTAT ACAAACAATA GTCAAACAGC	2040
	AACAAATAAC TATTATACTG GTGGTTCAGG TGCAAGTTAT AGCACAACAA GTAATAATGT	2100
10	TCATGTGACT ACAACTGCAG CGCCATCTTC AAATGGTCGT TCAATTTCTA ATGGTTATGC	2160
	ATCAGGAAGT AACTTATATA CTTCAGGACA ATGTACTTAT TATGTATTTG ATCGTGTTGG	2220
	TGGGAAAATT GGTTCACAT GGGGTAACGC AAGTAATTGG GcLAACGCAG CTGCATCATC	2280
15	TGGCTATACA GTGAACAATA CACCAAAAGT TGGTGCTATC ATGCAAACAA CACAAGGCTA	2340
	TTACGGTCAT GTTGCTTACG TTGAAGGCGT TAACAGCAAC GGTTCTGTTC GTGTTTCAGA	2400
	AATGAACTAT GGACATGGTG CTGGTGTGGT TACGTCTCGT ACAATTTTCAG CAAACCAAGC	2460
20	AGGTTCATAT AATTTTCTTC ATTAATCAAA TGTAATCAA ATGACGTCAA TATTCTCTAA	2520
	CATGAGAGTA TTGGCGTTTT TGTTTTATAT AAATATAAAT GAGAGCGGTT TATTCCTGA	2580
25	TCTTTAGGGA ACTAAGTAAT AAAGTGATAA TTTATACTAT GTCAGTATGA TTGAGAGTGA	2640
	TTCAATTTAG ATGAAAACCA TGAAAAATA TATTAAAACA GCATTTTTTT GTAGTATGTA	2700
	TTGGTTAATT GTTCAACTAA ATATAGCAAA TTTAGGTACA AGAATTCCTG ATAAGTATTT	2760
30	TCGTCAGAAG TACATAATAT TTAAATCATT TAACTTTGAG AAGCATGGAA AATTTTGGAA	2820
	CAAATGGTTT TACGTAAGAA AATGGAAACA TAAGATTTTA GATGGTCATC AGCTTAATCA	2880
	AAATATATAT GATCAGCGTC ATTTAATGAC AATCAATACT GATGAAATTG AAAAAATGAT	2940
35	TATAGAGACA AAGAGGGCAG AGTTGATTCA TTGGATATCG ATACTTCCAG TCATCATATT	3000
	CAATAAAGGC CCTCGTTTAT TAAAGTATAT AAATATTTTC TATGCAATGA TAGCTAATGT	3060
	TCCAATCATT ATTGTGCAAC GCTATAATCG ACCGAGATTA ACGCAGTTAC TACGCATATT	3120
40	AAAACGAAGA GGTGAACGTC ATGACTAAAC ATATCATCGT TATTGGTGGT GGCTTAGGTG	3180
	GGATTTCTGC AGCAATTCGA ATGGCACAAA GTGGCTATTC GGTCTCATT TATGAACAAA	3240
45	ATAATCATAT AGGAGGCAAA GTGAATCGTC ATGAATCAGA TGGCTTTGGC TTTGATTTAG	3300
	GTCCATCTAT TTTAACGATG CCTTATATTT TTGAAAAATT ATTCGAATAT AGCAAGAAGC	3360
	AAATGTCAGA CTACGTTACA ATCAAGCGAT TGCCACATCA ATGGCGTAGC TTTTTTCCAG	3420
50	ATGGAACGAC TATCGATTTG TATGAAGGTA TTAAAGAAAC AGGTCAGCAT AATGCGATAT	3480
	TGTCGAAACA GGATATAGAG GAACTGCAAA ATTATTTGAA TTATACAAGA CGAATCGATC	3540

55

	TTCATGGGCC ATTAAATGCT CTTATTAATT ATGATTATGT ACATACTATG CAACAGGCCA	3660
	TAGACAAGCG TATCTCGAAT CCATACTTGC GACAAATGTT AGGCTATTTT ATCAAATATG	3720
5	TAGGTTCTTC ATCATACGAT GCGCCAgCTG TATTATCTAT GTTATTCCAT ATGCAACAAG	3780
	AGCAAGGCCT TTGGTATGTA GAAGGTGGAA TCCATCATTT AGCCAATGCC TTGGAAAAGc	3840
	tAGCGCGTGA AGAAGGTGTC ACAATTCATA CAGGTGCACG TGTGGACAAT ATTAAAACAT	3900
10	ATCAAAGACG TGTGACGGGT GTCAGATTAG ATACAGGTGA GTTTGTAAAG GCAGATTATA	3960
	TTATTTCAAA TATGGAAGTC ATACCTACTT ATAAATATTT AATTCACCTT GATACTCAAC	4020
	GATTAAACAA ATTAGAGAGG GAATTTGAGC CGGCAAGCTC AGGATATGTG ATGCATTTAG	4080
15	GTGTTGCTTG CCAATACCCG CAATTAGCAC ATCATAATTT CTTTTTTACG GAAAATGCTT	4140
	ATCTCAATTA TcAACAAGTT TTTTCATGAAA AGGTATTGCC AGATGATCCG ACCATTTATC	4200
20	TAGTAAATAC GAATAAAACT GATCACACAC AAGCGCCAGT AGGTTATGAA AATATCAAAG	4260
	TCTTACCACA TATTCCATAT ATTCAAGATC AGCCTTTTAC CACTGAAGAT TATGCGAAGT	4320
	TTAGGGATAA AATTTTGGAT AAATTAGAAA AAATGGGACT TACTGATTTA AGAAAACACA	4380
25	TTATTTATGA AGATGTTTGG ACACCGGAGg ATATTGAAAA AAATTATCGT TCTAATCGTG	4440
	GTGCAATATA TGGTGTGTA GCAGATAAAA AGAAAAACAA AGGATTTAAA TTTCCTAAAG	4500

AAAGTCAGTA TTTTGAAAAC TTGTACTTTG TAGGTGGATC AGTAAATCCT GGTGGTGGCA	4560	
IGCCAATGGT TACATTAAGT GGGCAACAAG TCGCAGcAAg ATAAACGCGC GAGAAGCGAA	4620	30
3AATAGGAAG TGATATCTAT GAAATGGTTA TCACGAATAT TAACAGTAAT AGTGACCATG	4680	
ICTATGGCGT GTGGTGcATT GATATTTaAT CgTAGACATC A	4721	

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 235:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3516 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 235:

TAATTCGTGCG CAATGGGCTA AATTAGGTCT AGGTTTAGAT TATAGTAGAG AACGTTTTAC	60	
TTTAGATGAA GGTTTAAGTA AAGCAGTTAA AAAAGTTTTT GTTGATTAT ACAATAAAGG	120	
AATTATTTAT CGTGGCGAAC GTATTATAAA TtGGGATCCn AAAGCACGTA CAGCTTTATC	180	50
IGaTATTGAA GTAATACATG AAGATGTTCA AGGTGCGTTT TATCATTTTA AATATCCTTA	240	

	TACAGCGATT GTTGTTAACC CTAATGACGA ACGATACAAA GATGTAATCG GTAAAACTGT	360
	TATATTACCA ATCGTAGGAC GCGAACTGCC TATTTTAGCA GATGAGTATG TTGATATAGA	420
5	CTTCGGTTCT GGTGCTATGA AAGTGACACC AGCACATGAC CCTAATGATT TTGAAATTGG	480
	TCAAAGACAT CAATTAGAAA ATATTATCGT TATGGATGAA AATGGTAAAA TGAACGACAA	540
	AGCGGGTAAA TATGAAGGTA TGGACCGTTT TGATTGTCGT AAACAGCTAG TTAAAGATTT	600
10	AAAAGAACAA GATTTAGTTA TCAAGATTGA AGATCATGTT CATTCTGTAG GTCATTTCAGA	660
	ACGATCTGGC GCTGTTGTTG AACCATATTT ATCAACACAA TGGTTTGTGC GCATGGAAGA	720
	CTTAGCGAAA CGTTCATTAG ATAACCAAAA AACAGATGAT CGTATTGATT TTTATCCGCA	780
15	ACGTTTCGAA CATACATTTA ACCAATGGAT GGAAAATATT AGAGATTGGA CGATTTCAG	840
	ACAATTATGG TGGGGTCATC AAATTCCGGC TTGGTATCAT AAAGAAACAG GCGAAATATA	900
20	TGTTGGAGAA GAAGCGCCAA CTGATATTGA AAATTGGCAA CAAGATGAAG ATGTATTAGA	960
	TACGTGGTTC TCaAGTGCTT TATGGCCtTT CTCyACGTTA GGTTCGCCTG ATTTAGAAAG	1020
	TGAAGACTTT AAACGATACT ACCCAACAAA TGCCTTAGTT ACAGGTTACG ATATTATCTT	1080
25	TTTCTGGGTA GCACGCATGA TATTCCAAGG CTTAGAATTT ACAGATCGTC GTCCATTTAA	1140
	TGATGTATTA TTACACGGTT TAGTTCGTGC TGAAGACGGG CGTAAGATGA GTAAATCATT	1200
	AGGTAATGGT GTGGATCCAA TGGATGTTAT TGACGAATAC GGTGCTGATA GCTTGCGTTA	1260
30	CTTCTTAGCA ACAGGTTTCAT CTCCAGGACA TGATTTAAGA TACTCAACTG AAAAAGTTGA	1320
	GTCAGTGTGG AACTTTATCA ATAAAATCTG GAATGGGGCA CGTTTCAGTT TAATGAATAT	1380
	CGGTGAAGAC TTTAAAGTTG AAGATATCGA TTTAAGTGGT AACTTATCAT TAGCAGATAA	1440
35	ATGGATTCTA ACACGTTTAA ATGAAACGAT TGCAACAGTT ACTGATTTAA GTGACAAATA	1500
	TGAATTTCGGC GAAGTTGGAC GTGCATTATA TAATTTTCATT TGGGATGATT TCTGTGATTG	1560
40	GTACATTGAA ATGAGTAAAA TTCCAATGAA TAGTAATGAT GAAGAACAAA AACAAGTTAC	1620
	ACGTTTCAGTA TTGAGTTATA CTTTAGACAA TATTATGAGA ATGCTACATC CATTTCATGCC	1680
	ATTTGTAACA GAGAAAATAT GGCAAAGTTT ACCACATGAA GGTGACACAA TTGTAAAGC	1740
45	TTCATGGCCA GAAGTGCGTG AATCATTGAT TTTTGAAGAA AGTAAACAAA CAATGCAACA	1800
	ACTTGTTGAA ATCATTAAAT CTGTAAGACA ATCACGTGTA GAAGTAAATA CGCCATTGTC	1860
	TAAAGAAATA CCTATTTTAA TTCAAGCTAA AGATAAAGAA ATTGAAACAA CTTTATCACA	1920
50	AAACAAAGAT TATTTAATCA AATTCTGTAA TCCTAGTACC TTAAATATTA gCtGACGTGG	1980
	AAAwTCCTGA GAAAGCAATG ACaTCAGTTG TAATTGCAGG TAAAGTGGTA TTACCATTAG	2040

55



AAAGCGAATT AGATAGAGTA GATAAAAAGC TCTCTAATGA AAACTTTGTA AGTAAAGCAC 2160  
 CTGAAAAGGT TATAAATGAA GAAAAACGTA AAAACAAGA TTATCAAGAA AAATATGATG 2220  
 5 GTGTGAAGGC AAGAATTGAA CAATTAAAAG CATAGGAGTT AGTAACAATG AATTACCTAG 2280  
 AGAGCTTGTA TTGGATACAC GAAAGAACTA AATTTGGCAT CAAACCAGGT GTTAAACGTA 2340  
 TGAATGGAT GCTAGCACAA TTTAATAATC CTCAAATAA CATTAGGGT ATTCATGTAG 2400  
 10 GTGGCACAAA TGGTAAAGGC TCTACAGTTG CTTACCTTAG AACAGCTTTA GTTGAAAATG 2460  
 GTTATGAAGT AGGTACATTT ACGTCGCCGT TTATTGAAAC ATTTAATGAA CGAATTAGTC 2520  
 TAAATGGTGT GCCAATATCA AATGACGCTA TTGTAGAATT AGTATCACGT ATTAAACCAG 2580  
 15 TAAGTGAAAT GATGGAACGT GAAACAGATT TAGGTGTTGC AACTGAATTC GAAATAATCA 2640  
 CAGCGATGAT GTTTTTATAT TTTGGTGAAA TACATCCTGT TGATTTTGTC ATTGTTGAGG 2700  
 20 CTGGATTGGG TATAAAGAAC GATTCGACAA ATGTCTTTAC ACCGGTTTTA TCAATCTTAA 2760  
 CTAGTATCGG TCTAGACCAT ACAGATATTT TAGGTGGTAC TTATCTAGAT ATTGCTAGGG 2820  
 ATAAAGGCGC GATTATAAAG CCTAACGTTT CAGTGATATA TGCTGTTAAA AATGAAGATG 2880  
 25 CATTAAAATA TGTTTCGTGAA CGCGCAATTG AACACATGC AAAGCCAATT GAATTAGATA 2940  
 GAGAAATTGT TGTTGTATCG CAAAATGATG AATTTACTTA CCGTTATAAA GATTATGAAT 3000  
 TAGAAACAAT CATTTTAAGC ATGTTAGGTG AACATCAGAA ACAAATGCT GCATTAGCCA 3060  
 30 TAACAGCTCT TATTGAATTA AATGAACAAG GATTAATTGA ATTAGATTTC AATAAGATGA 3120  
 TAGACGGTAT TGAATCAGTT CGTTGGACTG GACGTATTGA GCAGGTGCAT GACAAACCTT 3180  
 TAATCATTTT GGATGGCGCA CATAATTCAG AGAGTATAGA TGCTCTAATT GATACAATTA 3240  
 35 AACAGTACCA TGATAAGAA AAAGTAGATA TTTTGTTCCTC AGCAATAAAC GGAAAACCGA 3300  
 TTAACGAGAT GGTCAAACAT TTAAGTTTAA TTGCGCATAC GTTTTATGCA ACTGAATTTG 3360  
 40 ATTTTCCGAA AGCGTTACGC AAAGAAGAAA TTGTAGGTAG TATTGAAAAT GATGAAATAC 3420  
 AATTAGTAGA TGAATCAGTT GAATTTATAA AAAATTATCA AGGTGATACA TTAGTAATTA 3480  
 CCGGTAGTCT GTATTTTATA AGTGAAGTTA AATCAA 3516

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 236:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 7481 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

	TGAGTGATAG AATCAAAAAA GCCATCTCAA AAATTAATCA AGCAAACAAC ATTCCAAACA	60
	ATGsTCGCAA ATCACCAATG TATCACTCTC CAATTACGTA ACTATGATTT AATTTAAGCA	120
5	TAGTTATTGA GGTTTTGTGA TATATAGTAT AAAATTAATG AGAATTAAAT TTAATAATGT	180
	AAAATTCATm TTCgGGGTCG GGTGTAATTC CCAACCGGCA GTAAATAAAG CCTGCGACCT	240
10	GCTAGTATGT ATCATATTAG TGGCTGATCT AGTGAGATTC TAGAGCCGAC AGTATAGTCT	300
	GGATGGGAGA AGATGGAGGT TTTTGTGTGT GCAATAATCC TCCTATTCTT ACGAGATGAA	360
	TGGAAGGAGA AAATTGAATA TGCAACAAAA TAAACGTCTT ATCACAATAA GTATGTTGAG	420
15	CGCGATTGCG TTTGTGTTAA CTTTTATCAA GTTTCCTATA CCATTTTTGC CACCATACTT	480
	AACTTTAGAT TTTAGTGATG TACCGTCACT ACTAGCTACA TTTACGTTTG GACCAGTTGC	540
	CGGTATCGTA GTTGCACTGG TTAAAAATTT ATTGAACTAC TTATTTAGTA TGGGCGATCC	600
20	AGTTGGACCA TTTGCTAACT TTTTAGCAGG CGCAAGTTTC TTATTAAGTG CTTACGCCAT	660
	CTATAAAAAT AAACGTTCAA CAAAATCTTT GATTACTGGA TTAATCATTG CAACAATCGT	720
	TATGACTATC GTGTTGAGTA TTTTGAAC TA TTCGTTCTA TTACCTTTGT ACGGTATGAT	780
25	ATTTAACTTA GCTGATATCG CAAATAATCT TAAAGTAATC ATTGTTTCAG GAATTATACC	840
	ATTCAATATT ATTAAAGGTA TCGTTATTTT TATTGTATTT ATTTTACTAT ATAGAAGGCT	900
	TGCGAATTTT TTGAAAAGAA TTTAATCAAA TTAAAGCAAA ATAATATACA CATAATAATA	960
30	AAAAGCAGGT GACTATCAAT AAACGATAGC TTGCCTGCTT TTTCTATAGA ACATTTGTCT	1020
	AAAAAATCAA TTATTCaAAT TTTAAAGCGT CCCCATCAAA TGATTCGTCT GCAATTTTAA	1080
35	TAGAATCTGt AGGGCATCCa TCAATTGCAT CTTCCATATC TTCATATAAT TCCTCAGGTA	1140
	CTTCTGCAGT ACCTTGGTTA TCGTCAAGGA TTACGAAAGC AATACCTTCG TCGTCGTAAT	1200
	CATATATATC TGGCGCTGCT GCACCGcATG CACCACATGC AATACAAGTA TCCATATCAA	1260
40	CGATTGTATA TTTTGCCAAT GTCTTCGCCT CCTTTGATAA AAATGCTAAA ATAGTAATGT	1320
	GACTAAAATT TTAGACAGCA TCATTTTTAT TTTCAAATTA TCGTTTTTAC AGAGTGAGGG	1380
	TTAAATTTGC AACACATTAT AAAACAGCA TTACAACAAA CATTTAACTA TAAAACAAAT	1440
45	AAAAGTATTT ACAATATCTT AGTTGGTAAG AAATCTCACC AAACCTTTTT TGACGCTTGT	1500
	AGTCAACAAC AGTTGTCATT ATATCACAGT TTACCACTAT TAAAATATCC GTCTTTTGAG	1560
	CTATTTtTAG AAAAAATCAA TGAATTTAAT GCTGAAATGG AAATCATGTT GCATCCTAGA	1620
50	TATACATTTG aAAGCATGGG GCAAACATTT CAAGCAATTC AACTATTAGT GCAAaCCATG	1680
	TCTAATACCA AACAACATGT TTTTCATTTT GTACCAATCT CTCAAATAA TAAGATACm	1740

55

	AATGAACTAC ATAACCTTGTT TAAAGCAATA ACTTTAAAAG GGCCATGTTA CTTACATTAT	1860
	TATTTGCAAG GCTATGATGA ACCAATGTAT ACGAGACAGC AAGTTAGTTT AATAGAAAAG	1920
5	CTATCTCAAC AGCAATTGTT TGAATACGAA ATGAATAATT TAGTGACAAT GATGTTTGAA	1980
	TTAGAAAGTG GAGAATATAC TATTTTATCA AAAATAATAA TGAAACCTAC ATTATTAAAT	2040
	CAAACCTATA TTACTTATAC AAAATTGCTT GAACAATTCA CGATGGAAGA TATAGCGGCT	2100
10	CAACAACAAG TTAAAATCAA TACTATCGAA GATCATGTAC TTGAAATCTT AATCAAAGGT	2160
	TACATGTCTA ATTACGATGA TTATGTTGAA CTAGAAGATC AACTCCAGTT TTTGAATTTT	2220
	TATCAACAGC ATCGTGGCGA ACGATTAAAA TTTTACAAAG AACAAATTGA CACGTTATCA	2280
15	TATTTTCAAT TAAAAGTATT AATCGTTGGA TTTGAAAGAG GTGATCTGAA TGTTCATGA	2340
	TATTTTACGA AACAAATTTG GATTCGAGAG TTTTAAACCG GGACAACAGG AAATTATAGA	2400
20	AAGTATAATG TCTCAACAAC ACACTCTAGG TATACTTCCA ACTGGAAGTG GAAAGAGTTT	2460
	GTGTTATCAA ATACCTACGT ATTTATCAGG TAAGCCGACA TTAATTATCT CACCGTTAAT	2520
	ATCTTTAATG GATGACCAAG TTATGCAGTT GAAAATAAAT GGAGAAAAAC GTGTAACATG	2580
25	TATTCACTCT GGTATGGATG AAATTGAGAA AAAGCATAAT ATTAAATGTT TACGACATAG	2640
	CCGCTTCATC TTTCTAAGTC CAGAATTTCT CCTGCAACCG TCAAATTTTA AATTAATATC	2700
	TATGATAGAC TTTGGCATGA TTGTTCTAGA TGAAGCACAT TGCCTATCTG AATGGGGATA	2760
30	TGATTTCAGA CCACATTATG CTCTAATAGG AAAAGTAACA AAGCATTTTA AAGAAGCGGT	2820
	TGTCTTAGCA TTGACAGCAA CTGCACCACC GCATTTACAA GATGATTTGA CGGAAATGTT	2880
	AGCGATTCAA TTCAATGTTA TTAAACTAC AATGAATCGC CCAAATATAA GCTTTAAGCA	2940
35	TCTTAATTTT CATGATGATG AAGATAAAAT TGAATGGTTG CTGCCGTTTC TACAACAGTC	3000
	GGGAGCAACG ATTATTTATG TCTCATCGAA AAAGATGTGT CTGAATTTAG CGCAACTTAT	3060
40	TTATGATTCA GGTTTTCTTA CAGGTATTTA TCATGGTGAT ATGAATTATC AAGAGCGACA	3120
	CACAGTTCAA CAACAATTTT TAAATAATGA TATTCCGATT ATAGTCGCAA CGAGTGCTTT	3180
	TGGTATGGGA ATTAATAAAA AAGATATTCG CACAATCATT CACTTTCATC TTTCAACAAG	3240
45	TCCTTCTAAC TACATTCAAG AAATTGGCCG TGCGGGTCGC GATSGTGAAC TAAGTCAGGC	3300
	AATTAGTTTA TTCCAACCGG ACGATAAATA TATTTTAGAA ACGTTATTAT TTGCAGATAT	3360
	GATAACAGAA GAAGATGTAC AAAATTTCTGA AATAGGAGAA TTTTLAGCTC CCGATAAACA	3420
50	AGCCGTTTTG ACAACGTTGc AATCATTCTA TAGTATCGGC GCCTTGaAAC AGATATTTAA	3480
	GCAATCATTT AAACGAAAGC AATTAGGATT CTTTCGCATG ATTGGCTATT GCAAATTGGA	3540

55

	ATGTTGTGAC AATGATTCTA ATATAACTGA TATCGCAATT TTAAATAAGA AGAAGGTAAT	3660
	TAGAAGTATT GGATTTGATG AAAAGTTGCA AAATTTATTT CTCAGATAGT ATTACTTTAC	3720
5	TAAAAGAAAA TTGACAAGCT ATAATTAGTG TATACACAAT TGAAAAATGA TTGAAATAAT	3780
	TTTGAAAAAT ATACATAAAC ATATGTCATG TGGGTATATT TTATGTAAAA TCATTGTAAT	3840
10	AGAATAGAAA GGAAGATGGC TATGTCTAAT AATTTTAAAG ATGACTTTGA AAAAAATCGT	3900
	CAATCGATAG ACACAAATTC ACATCAAGAC CATACGGAAG ATGTTGAAAA AGACCAATCA	3960
	GAATTAGAAC ATCAGGATAC AATAGAGAAT ACGGAGCAAC AGTTTCCGCC AAGAAATGCC	4020
15	CAAAGAAGAA AAAGACGCCG TGATTTAGCA ACGAATCATA ATAAACAAGT TCACAATGAA	4080
	TCACAAACAT CTGAAGACAA TGTTCAAAAT GAGGCTGGCA CAATAGATGA TCGTCAAGTC	4140
	GAATCATCAC ACAGTACTGA AaGTCAAGAA CCTAGCCATC AAGACAGTAC ACCTCAACAT	4200
20	GAAGAGGAAT ATTATAATAA GAATGCTTTT GCAATGGATA AATCACATCC AGAACCAATC	4260
	GAAGACAATG ATAAACACGA TACTATTAAA AATGCAGAAA ATAACACTGA GCATTCAACA	4320
	GTTTCTGATA AGAGTGAAGC TGAACAATCT CAGCAACCTA AACCATATTT TACAACAGGT	4380
25	GCTAACCAAT CAGAAACATC AAAAAATGAA CATGATAATG ATTCTGTAAA ACAAGATCAA	4440
	GATGAACCTA AAGAACATCA TAATGGTAAA AAAGCAGCAG CTATTGGTGC TGGAACAGCA	4500
30	GGTGTTCAG GTGCAGCTGG TGCAATGGCT GCTTCTAAAG CTAAGAAACA TTCAAATGAC	4560
	GCTCAAAACA AAAGTAATTC TGGCAAGGCG AATAACTCGA CTGAGGATAA AGCGTCTCAA	4620
	GATAAGTCTA AAGATCATCA TAATGGCAAA AAAGGTGCAG CGATCGGTGC TGGAACAGCA	4680
35	GGTTTGGCTG GAGGCGCagC AAGTAAAAGT GCTTCTGCCG CTTCAAAACC ACATGCCTCT	4740
	AATAATGCAA GCCAAAACCA TGATGAACAT GACAATCATG ACAGAGATAA AGAACGTAAA	4800
	AAAGGTGGCA TGGCCAAAGT ATTGTTACCA TTAATTGCAG CTGTACTAAT TATCGGTGCA	4860
40	TTAGCGATAT TTGGAGGCAT GGCATTAAAC AATCATAATA ATGGTACAAA AGAAAATAAA	4920
	ATCGCGAATA CAAATAAAAA TAATGCTGAT GAAAGTAAAG ACAAAGACAC ATCTAAAGAC	4980
	GCTTCTAAAG ATAAATCAAA ATCTACAGAC AGTGATAAAT CAAAAGAGGA TCAAGACAAA	5040
45	GCGACTAAAG ATGAATCTGA TAATGATCAA AACAACGCTA ATCAAGCGAA CAATCAAGCA	5100
	CAAAATAATC AAAATCAACA ACAAGCTAAT CAAAATCAAC AACAGCAACA ACAACGTCAA	5160
50	GGTGGTGGCC AAAGACATAC AGTGAATGGT CAAGAAAAC TATACCGTAT CGCAATTCAA	5220
	TACTACGGTT CAGGTTCAAC GGAAAATGTT GAAAAAATTA GACGTGCCAA TGGTTTAAGT	5280
	GGTAACAATA TTAGAAACGG TCAACAAATC GTTATTCCAT AATATAACTA TATAAATTGT	5340

55

	TAAATTGCGC TTATAAGTAT GTAGCGGTTT TTTCATTTTT CAAAGTTTGT TATTTAACAA	5460
	GGTCTTGTCT CGAATATTGG CATATCAATT TAACTTTTTA AATAGTCATC AAAAAGATAA	5520
5	AACACCACAA TCAACAAATT TAACGAGGAA GAATAAAAAA TAAATCAACA TATTAAATTG	5580
	TAGTGTTATT CAACTCCGTA GCTAACAATT CTCTATTCAC ATTAAACAAA TTGTCAAAAA	5640
	TATATCATAA ATCTTCAAGC ACAGACTTAG CGCATCAATC ACTGAACTGT TATAATAGTT	5700
10	TGGGATTAAA GGAGGCCGAA ACAATGCAAA AAGTTGAAAG TATCATAATT GGTGGAGGGC	5760
	CATGCGGATT AAGTGCGGCT ATTGAACAAA AAAGAAAAGG TATTGATACC TTAATTATTG	5820
	AAAAGGGTAA TGTCGTTGAA TCAATCTACA ATTATCCTAC TCACCAAACA TTTTCTCAT	5880
15	CAAGTGATAA ATTAAGTATT GGGcGAgTAC CGTTTATCGT TGAAGAAAGT AAACCAAGAC	5940
	GTAATCAAGC GCTAGTTTAT TACCGAGAAG TTGTAAAACA TCATCAATTA AAAGTAAATG	6000
	CATTTGAAGA AGTATTA ACT GTTAAAAAAA TGAATAATAA ATTTACTATT ACTACGACGA	6060
20	AAGATGTTTA TGAATGTCGA TTTTAAACAA TCGCGACAGG CTATTATGGT CAGCATAATA	6120
	CATTAGAAGT TGAAGGTGCG GATTTACCTA AAGTGTTCCA TTATTTTAAA GAGGCACATC	6180
25	CGTATTTTGA TCAAGATGTT GTAATTATCG GTGGTAAGAA TTCGGCTATC GATGCTGCTT	6240
	TGGAGTTGGA AAAAGCTGGT GCTAACGTGA CGGTTCTATA TCGTGGTGGA GATTATTCGC	6300
	CTTCAATTAA ACCGTGGATA CTTCCAAATT TCACAGCATT AGTAAATCAT GAAAAAATTG	6360
30	ACATGGAATT TAATGCTAAT GTTACCCAAA TAACTGAAGA TACTGTGACT TATGAAGTAA	6420
	ATGGTGAAAG TAAAACGATA CACAATGATT ATGTATTTGC GATGATTGGT TATCATCCCG	6480
	ATTATGAATT TTTAAAATCT GTAGGCATTC AAATTAATAC AAATGAATTT GGAACAGCGC	6540
35	CTATGTATAA TAAAGAAACA TACGAAACAA ATATCGAAAA TTGCTATATT GCAGGTGTAA	6600
	TTGCTGCAGG GAACGATGCG AATACCATTT TTATTGAAAA TGGTAAATTC CACGGGGGCA	6660
	TTATTGCTCA AAGCATGCTA GCTAAGAAAC AAACGCCCTT AGAATCATAA AAATAAAGGT	6720
40	CTATGTACTA AATAACTTAG TTTTACAACG ACTGACATTC ATGATATGTC AAATGAGGTT	6780
	GATGACTATT GATTGTACAT AGACCTTTTT ATGTTACGTA TTCATTATAA TTCAAAATAT	6840
45	GATTTGATTT CAGCTTTATC TAAATTGTTG CTTAACGCGA CTAATAATTT TAATCTTGCT	6900
	TTTGGACCAT TCAAGCCGTT AGAAAAAATA AAACCTTGTT GTGCGAGTTG GTAACCACCA	6960
	CCATCGTATG CGTAAGTTGG ACTCACAATA CCATTAAAGG AACGTGAAAC TAGCACAATA	7020
50	GGTATATTTA AAGATACTAA TTGTTGAATG CCTTCTAATG CGCTTGGAGG TATGTTGCCT	7080
	TGTCCTAACG CTTCAATAAC CATACCATCG ATACCTTCTC GACTATAAAA ACTAAAAATG	7140

55



TCCAATGCTT GTTGCCGATA TGGCATATGA TGGAATTGCA CACGATCCTT TGTCAATACA 7260  
 CCTAGCGGAC CATGATTGG ACTTTGAAAT GTGTTTGTAT TAGACGTATG TGTTTTGGTA 7320  
 5 ACATTACGCG CCGTATGAAT TTCATCATT AaTACAACCA TCACGCCTTT ATGACGGGCC 7380  
 TTTTCATCAG AGGCAACGCG AATAGCGGAA ATATAATTAT ATAATCCGTC AGAACCAATT 7440  
 TCATTAGACG AGCGCATTGG CCAAGAAntA ACAACAGGTT G 7481

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 237:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 6346 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

15 (C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 237:

ATGAATTATA CCTTCCACTA GAAGTGTCGG TATTTATGTG CCTGGTGGTA AAGCAAGTTA 60  
 TCCTTCAACG GTATTAATGA CAGCGACGTT AGCACAAGTA GCAGGTGTGG AAAATATTGT 120  
 25 CGTGTGACA CCACCTCAAC CTAATGGTGT GTCTCAAGAA GTATTAGCAG CATGCTATAT 180  
 TACGCAAGTT GATCAAGTAT TTCAAGTTGG TGGTGCTCAA AGTATTGCTG CGTTAACTTA 240  
 TGGCACAGAA ACGATACCTA AAGTTGATAA GATTGTAGGT CCAGGCAATC AATTTGTTGC 300  
 30 ATATGCCAAG AAATATTTAT TTGGACAAGT AGGTATTGAC CAAATAGCTG GACCAACAGA 360  
 AATAGCACTT ATTATTGATG AAACAGCAGA TTTAGATGCC ATCGTATATG ATGTTTTTGC 420  
 ACAAGCAGAA CATGATGAAT TAGCACGTAC ATATGCCATT AGTGAAGATG CGCAAGTCCT 480  
 35 TAAAGATTTA GAATCACGTA TTGCTAAAGC ATTGCCTAAT GTGGACAGAT ACGACATTGT 540  
 TTCTAAAAGT ATCGCTAATC AACACTACCT TATCCATGCT AGTAATTTTG ATGAAGCATG 600  
 CCATGTCATG AATACAATCG CGCCTGAACA TCGGTCGATT CAAACAGTAA ATCCTCAACC 660  
 40 ATATATTGAA AAAGTGAAAT ATGTGGGTGC ATTGTTTATT GGACATTATT CGCCAGAGGT 720  
 CATAGGAGAT TACGTTGCAG GTCCAAGTCA TGTATTACCT ACAAATAGAA CAGCTAGATT 780  
 TACCAATGGG TTATCGGTCA ATGATTTCTT AACACGGAAC ACGGTCATCC ATTTATCAAA 840  
 AGATACGTTT GAACAAATTG CTGATTCAGC ACAACATATT GTCATGTTG AAGCATTATA 900  
 CAATCACCAG CAGTCTATTT TAATACGTCA GTCTTAGGGG AGTGTAATTG AAATGATTTA 960  
 50 TATTGATAAA AATGAAAGTC CAGTTACGCC GTTGGATGAA AAAACAATGA CGTCTATTAT 1020  
 TAGTGCAACg CnATATAATT TATATCCTGA TGCAGCATAT GAACAATTCA AGGAAGCTTA 1080

	GATTCAAAAG TTAATGCTGA TCATGCCAGA AGGTCCGGCA TTAACGCTAA ATCCTGATTT	1200
	TTTTATGTAT CAAGCATATG CGGCACAAGT AAATCGTGAA ATTGCATTG TAGATGCAGG	1260
5	ATCAGATTTA ACGTTTGATT TGGAAACCAT TTTAACGAAA ATCGATGAAG TACAACCATC	1320
	ATTTTTTATT ATGAGTAATC CACATAACCC TTCAGGCAAG CAATTTGATA CGGCATTTTT	1380
	AACAGCTATT GCAGATAAGA TGAAAGCATT AAACGGATAC TTTGTCATTG ATGAAGCATA	1440
10	TTTAGATTAT GGTACGGCAT ATGACGTGGA ACTGGCACCA CACATCTTAA GAATGCGTAC	1500
	ATTATCAAAG GCGTTTGGA TGGCCGGCTT AAGATTAGGT GTCTTAATTA GTACTGCTGG	1560
	AACGATAAAG CATATTCAAA AAATAGAACA TCCATATCCA TTAAATGTAT TTACGCTAAA	1620
15	TATTGCGACT TATATTTTAA GACATAGAGA AGAGACAAGA CAATTTTAA CGATGCAACG	1680
	ACAGTTAGCT GAGCAGTTAA AACAAATATT TGATACACAT GTTGCAGATA AAATGTCAGT	1740
20	GTTCCCATCA AATGCTAATT TTGTACTTAC TAAAGGCTCA GCAGCGCAAC AATTAGGACA	1800
	ATACGTATAT GAACAAGGAT TTAAACCTCG CTTTTATGAT GAGCCGGTGA TGAAGGGCTA	1860
	TGTAAGATAC TCAATTGCAA CAGCATCACA GTTAAAGCAA TTAGAAGAAA TTGTTAAAGA	1920
25	ATGGAGTGCA AAATATGATT TATCAAAAAC AACGAAACAC AGCTGAAACG CAACTAAATA	1980
	TTTCAATATC TGATGATCAG TCACCATCGC ATATTAATAC AGGTGTGGGC TTTTAAATC	2040
	ATATGTTAAC CTTGTTTACA TTTCATAGCG GTCTGTCATT AAACATTGAG GCACAAGGTG	2100
30	ATATTGACGT AGATGATCAC CACGTAACCTG AAGATATCGG CATTGTCATT GGCCAATTGT	2160
	TACTTGAAAT GATTAAAGAT AAAAAGCATT TCGTTCGTTA TGGAACGATG TACATTCCAA	2220
	TGGATGAAAC ATTAGCACGT GTCGTTGTGG ATATAAGTGG GCGCCCATAC CTATCATTCA	2280
35	ATGCATCATT AAGTAAAGAA AAAGTTGGTA CGTTTGATAC GGAGTTAGTA GAAGAATTTT	2340
	TTAGAGCGGT CGTAATCAAT GCAAGATTAA CAACGCATAT TGATTTAATT CGTGGAGGTA	2400
40	ATACACACCA TGAAATTGAA GCTATATTCA AAGCGTTTTT CCGTGCATTA GGCATAGCGC	2460
	TAACTGCAAC TGATGATCAG CGTGTGCCGT CATCGAAAGG TGTGATTGAA TGATTGTCAT	2520
	CGTTGATTAT GGATTAGGGA ATATTAGTAA TGTAACACGC GCTATTGAAC ATTTAGGGTA	2580
45	TGAGGTGGTT GTCTCAAATA CCTCAAAAAT AATCGATCAA GCAGAAACAA TCATATTGCC	2640
	CGGTGTCGGC CATTTTAAAG ATGCGATGTC AGAGATAAAA CGATTAAATC TCAATGCAAT	2700
	ATTGGCTAAG AATACTGATA AGAAGATGAT TGGTATTTGT TTAGGCATGC AATTAATGTA	2760
50	TGAGCATAGT GATGAAGGCG ATGCATCTGG ATTAGGGTTT ATCCCAGGAA ATATTTTCGG	2820
	TATCCAAACA GAATACCCAG TGCCACACTT AGGCTGGAAT AATTTAGTGA GTAAGCACCC	2880

55

	AATTGCATAT GCGCAGTATG GGGCTGATAT TCCGGCAATT GTTCAATTTA ACAATTATAT	3000
	TGGTATTCAA TTCCATCCTG AAAAAAGCGG TACATATGGG TTACAAATTT TCGGTCAGGC	3060
5	AATACAAGGG GGATTTATAA ATGATTGAAT TATGGCCAGC GATTGATTTG ATTGGGTCAA	3120
	CAAGTGTGAG GTTAACAGAG GGTAAATATG ATAGTGAAGA AAAAATGTCA CGCTCGGCTG	3180
	AAGAAAGTAT TGCTTACTAT AGTCAATTTG AATGTGTGAA TCGTATTCAT ATCGTCGACT	3240
10	TGATAGGTGC TAAGGCACAG CATGCCCGAG AGTTTGATTA TATTAAGTCA TTGAGGAGAT	3300
	TAACAACCAA AGATATTGAA GTAGGTGGTG GCATTTCGTAC GAAGTCACAA ATCATGGACT	3360
	ACTTTGCCGC AGGGATTAAT TATTGCATAG TTGGAACGAA AGGTATTCAA GATACTGATT	3420
15	GGCTTAAAGA GATGGCACAT ACATTTCCAG GTCGCATTTA TTTATCTGTT GATGCCTATG	3480
	GAGAAGATAT TAAAGTGAAC GGATGGGAAG AGGACACAGA GTTAAATTTA TTTAGTTTTG	3540
20	TGAGACGGTT ATCGGATATA CCTCTTGGCG GCATTATATA TACTGATATT GCTAAAGATG	3600
	GCAAAATGTC CGGACCTAAC TTTGAATTAA CTGGTCAATT AGTAAAGGCA ACGACGATTC	3660
	CTGTCATTGC TTCCGGTGGT ATTAGACATC AGCAAGATAT TCAACGATTA GCGTCGCTAA	3720
25	ATGTTACAGC TGCTATTATA GGAAAGGCTG CACATCAAGC ATCTTTTGG GAGGGGCTAA	3780
	AATGATTAAA AAACGTATCA TTCCATGTTT AGATGTCAAA GATGGTCGTG TCGTTAAAGG	3840
	GATTCAATTT AAAGGATTAA GGGATATTGG GAATCCTGTT GATTTAGCAA TGTATTACAA	3900
30	TGAAGCGGGT GCTGATGAAT TAGTATTTTT AGACATCTCT AAGACGGAAG AGGGTCATAG	3960
	CTTAATGCTA GAAGTGATTG AACAGACAGC GTCACGCTTG TTTATCCCTC TTACTGTAGG	4020
	GGGTGGGATT CAAAGTCTCG ATGATATTAC CCAATTGCTA AATCATGGTG CAGATAAAGT	4080
35	ATCATTAAAT TCAAGTGCTT TAAAAAATCC ACAGCTCATT AAACAAGCGA GTGATAAATT	4140
	CGGTAGACAA TGCATCTGCA TAGCAATTGA TAGCTATTAT GATCCTGAAA GAAAAGCACA	4200
	TTATTGTTGT ACGACTGGTG GTAAAAAAT GACAAATATT AAAGTATATG ACTGGGTACA	4260
40	GCAAGTAGAA CAGTTAGGTG CAGGTGAGCT CCTCGTTACA AGTATGGGAC ATGATGGTAT	4320
	GAAACAAGGC TTTGATATTG AACACCTAGC AAATATTAAG TCTCTTGTA ATATTCCAAT	4380
45	CATTGCTTCT GGTGGTGGTG GCAATGCACA ACACTTTGTA GAATTATTTG ATCAGACGGA	4440
	TGTTTCTGCA GGTTTAGCTG CAAGTATATT ACATGATCGA GAAACGACGG TTCAATCTAT	4500
	TAAAGAAGTG ATACGGCAAG GGGGTATAGC AGTAAGATGA CCAAATATAA AATTGATTTT	4560
50	AGCAAAGGTT TAGTGCCAGC AATTTIACAA GATAATCAAA CAAAACAAGT ATTGATGTTG	4620
	GGTTATATGA ACCAAGAAGC TTTTGATAAA ACGATAGAAG ATGGTGTGGT ATGTTTCTAT	4680

55

AAAGATATTC ATGTAGATTG CGACAATGAC ACTATTTTAA TTGATGTCAT ACCAAATGGA 4800  
 CCAACATGTC ATACAGGCAG TCAAAGTTGT TTCAACACAG AAGTTCCATT TTCAGTGCAA 4860  
 5 ACATTAGCGC AGACAGTTCA AGATAGTGCC CAATCCAATA ATGAAAAGTC ATATACAAAA 4920  
 TATTTATTAA CAGAAGGTAT AGAAAAGATT ACAAAAAAAT ACGGTGAAGA AGCTTTTGAA 4980  
 GTCGTAATTG AAGCAATTAA AGGTGACAAA AAAGCATTTG TAAGTGAAGT AGCAGATGAA 5040  
 10 CTTTATCATT TATTTGTCTT GATGCATGCG CTTGGCGTCG ATTTTTCAGA AATTGAGGCG 5100  
 GAATTAGCGC GTAGACATCA TAAGCGCAAT AACTTTAAAG GTGAACGACA AAATATCGAA 5160  
 CAGTGGTAAA GCAAGTATGG ACTAAGATAT AAGGAAAAGG ATCATGGCTT ATACACTTAC 5220  
 15 AAATATTGTG GAAAACGTGA CATTTTCAAG TTAAAATAC GACACCAACA TATTTTAACT 5280  
 ATGAATGCTG TGATGGTACT AAAGTTGCGA ACTCGTTATA GATAAGTAGT GGATAATCAC 5340  
 AATACGAAAT CAAAAATAAT TATAAAAAGT AAATTGAGCA ACTCAGGAAT AGATGTCACT 5400  
 20 GTTAAAGATG TCGAAAAGTA TATGAATCGA TATAATGAAG TTATGAAGGG AAAAAATGGC 5460  
 GAAAAAGCTA AAGAGTTATG TTTGTCGTTA CTACCTATTA ATATCATAGT TGTCTTTACA 5520  
 25 TTCCTTGTAT TTATACTATA AATACAAATA TATCTAGCCT GAAATAGAAA TGTCATAGCC 5580  
 TATTTAAAAG ACAATCTCCA TTAGAACTAA GATATGCATC CCGAAAGTTA GACTAAAAAA 5640  
 CTAACCTTAT GGGATGTATT TTTATGCTAA TCATCATAAA TTCGAGATTA AGTTAAAGGT 5700  
 30 AGTTCAAGAG TAATTAAACA ATAAATWAAA AATAGTAGGA TACTTACTTT GAGGGAAGAA 5760  
 AATTAAGTGT ATATATTTAG TTTAGGAACA AGTATTACGG TTTATCCTGA TACAATTATT 5820  
 GTGGATGGGA TGATATTTTT AGGTTTAAAA TACGACACCA GCAAACATAA TAACTGTAAT 5880  
 35 AGCTCATAAA TCTCCCCATA TAGCTAATCT AAAAAAATAA TACATCATTG GAATTAAGCC 5940  
 CCAAGCATGT AAATATTAAA AATCAAAAMA GATATmTGTA AAAaAGTTAC AATTtGCATA 6000  
 ATTAAATTGT GTCTAATTAT TGAATAATTA AATTTTGCCA AATATAATAT TAATTAATAA 6060  
 40 TTTGaAATGA TTAGCGTATA CACTTTAAAT TCTCTTTGGA GAATATATTT TTAAATACA 6120  
 AATGTAAACG CTTTCTCGTC AAATTAAACA ATAGAAAGGA TGGTCATTAT GAGTGCTTGG 6180  
 TTAAGTAAAT TATTTGAGTT TATTCCTCGA ATAATTATCA ATTTGTTTAT CTAAAATAAA 6240  
 45 AAAATAGAGG TGCTGACAAT GATGAAAAGT CAAAATAAGT ATAGTATTCG TAAATTTAGT 6300  
 GTAGGTGCAT CTTCCATTTT AATAGCTACA TTACTATTTT TAAGTG 6346

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 238:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 3775 base pairs

55

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 238:

	TGATAATGAT TCTCATTGTC ATACATCACG AAGGAGGCTA ATTAGTCAAT GAATAAAGTA	60
10	ATTAAAATGC TTGTTGTTAC GCTTGCTTTC CTACTTGTTT TAGCAGGATG TAGTGGGAAT	120
	TCAAATAAAC AATCATCTGA TAACAAAGAT AAGGAAACAA CTTCAATTAA ACATGCAATG	180
	GGtACAACTG AAATTAAAGG GAAACCAAAG CGTGTTGTTA CGCTATATCA AGGTGCCACT	240
15	GACGTCGCTG TATCTTTAGG TGTTAAACCT GTAGGTGCTG TAGAATCATG GACACAAAAA	300
	CCGAAATTCG AATACATAAA AAATGATTTA AAAGATACTA AGATTGTAGG TCAAGAACCT	360
	GCACCTAACT TAGAGGAAAT CTCTAAATTA AAACCGGACT TAATTGTGCG GTCAAAAGTT	420
20	AGAAATGAAA AAGTTTACGA TCAATTATCT AAAATCGCAC CAACAGTTTC TACTGATACA	480
	GTTTTCAAAT TCAAAGATAC AACTAAGTTA ATGGGGAAAG CTTTAGGGAA AGAAAAAGAA	540
	GCTGAAGATT TACTTAAAAA GTACGATGAT AAAGTAGCTG CATTCCAAAA AGATGCAAAA	600
25	GCAAAGTATA AAGATGCATG GCCATTGAAA GCTTCAGTTG TTAACCTCCG TGCTGATCAT	660
	ACAAGAATTT ATGCTGGTGG ATATGCTGGT GAAATCTTAA ATGATTTAGG ATTCAAACGT	720
	AATAAAGACT TACAAAAACA AGTTGATAAT GGTAAAGATA TTATCCAACT TACATCTAAA	780
30	GAAAGCATTG CATTAAATGAA CGCTGATCAT ATTTTGTAG TAAATCAGA TCCAAATGCG	840
	AAAGATGCTG CATTAGTTAA AAAGACTGAA AGCGAATGGA CTTCAAGTAA AGAGTGGAAG	900
35	AATTTAGACG CaGTTAAAAA CAACCAAGTA TCTGATGATT TAGATGAAAT CACTTGGAAC	960
	TTAGCTGGCG GATATAAATC TTCATTAAAA CTTATTGACG ATTTATATGA AAAGTTAAAT	1020
	ATTGAAAAAC AATCAAAATA ATTAAGGAGT TTTACGATGC TACTTAAACC AAAATACCAA	1080
40	ATCGTTATTG CTGGTTTATG TCTTGCAATA GTAGCTATCT TAAGTTTAAT GATTGGAAAT	1140
	ACGCTTGTGT CACCAGGTAC GGTGATACAG GCGTTATTCA ACTTTGATAG TGAAAACGAT	1200
	TTACATGATG TTGTCACCTGG TGCACGGGCG TCGAGAACAA TCATTGCGTT ATTGACTGGT	1260
45	GCTGCCCTTG CTGTCTCAGG TTTGTTGATG CAAGCACTTA CACGAAACCC AATAGCCTCA	1320
	CCAGGGCTTT TCGGTGTCAA TGCAGGCGCA GTATTTTTTG TCATTTTATG TATTACATTT	1380
	ATCCAAATTC AATCTTTTAA AATGATTGTA GTTATTGCAT TTTTGGGGGC TATTGTTGTT	1440
50	ACTGTATTAG TTGTTGCACT AGGTATGTTT AGACAAACAC TATTCTCACC TCACCGTGTC	1500
	ATTTTGGCAG GTGCTGCGAT TGCGATGCTA TTTACAGCCT TTACTCAAGG CATACTTATT	1560

55



	AATATTTGGG ATATCCCATG GATTATTCCG CTTGTATTGA TACTTATTTT AATTGCATTT	1680
	AGCATGGCTG CACACATCAA CATCTTGATG ACAAGTGACG ACATTGCAAC CGGCCTCGGT	1740
5	CAAAACATAA AATTAATCAA ATGGATGATT ATTATGCTCA TCAGTATGTT AGCCGGTATT	1800
	TCGGTAGCCG TAGCTGGATC AATCGTCTTT GTGGGTCTTA TCGTACCGAA TATTAGCAAA	1860
	CGATTATTAC CACCAAATA TAAGTATTTA ATTCCTTTTA CTGCATTAGC TGGAGCAATC	1920
10	CTAATGATCA TTTCAGACAT TGTGCTCGT ATAATAATTA AGCCACTAGA GTTGCCTATC	1980
	GGTGTCTGTA CCGCTGTCAT TGGCGCTATT GTCTTAATCT ATATTATGAA GAAAGGACGT	2040
	CAACGCTTAT GACCGAAAAG ATTAATAAAA AAGACAATTA CCATCTCATC TTCGCGTTAA	2100
15	TCTTTTTAGC CATCGTTTCA GTGGTAAGTA TGATGATTGG TTCAAGCTTT ATACCATTAC	2160
	AACGCGTACT GATGTACTTT ATAAATCCAA ATGACAGTAT GGATCAATTC ACTTTAGAAG	2220
	TATTACGCTT ACCTCGCATT ACACTTGCGA TTTTAGCAGG TGCCGCACTA GGAATGAGTG	2280
20	GTTTAATGTT GCAAAATGTA TTAAAAAATC CAATTGCCTC ACCTGATATT ATCGGTATCA	2340
	CAGGTGGTGC TAGCTTAAGT GCTGTTGTCT TTATTGCATT TTTCAGCCAT TTAACAATAC	2400
	ATTTACTTCC ACTATTTGCA GTATTAGGTG GCGCAGTTGC AATGATGATA CTATTAGTGT	2460
25	TTCAAACGAA AGGACAAATA CGCCCGACAA CACTCATAAT CATCGGTATT TCGATGCAAA	2520
	CGTTGTTTAT TCGCCTTGTC CAAGGATTAC TCATTACAAC GAAGCAATTA TCTGCTGCCA	2580
	AAGCTTATAC ATGGCTAGTC GGAAGTCTTT ACGGTGCTAC GTTTAAAGAT ACAATCATTT	2640
30	TGGGTATGGT TATTTTAGCT GTTGTGCCGT TGTTATTTCT TGTTATACCA AAAATGAAAA	2700
	TATCTATACT TGATGACCCT GTAGCGATTG GCTTAGGCTT ACATGTACAA CGTATGAAAC	2760
35	TAATCCAATT AATCACTTCT ACTATACTCG TATCTATGGC AATCAGTTTA GTAGGTAACA	2820
	TTGGSTTTGT CGGTTTAATC GCACCACATA TCGCGAAAAC AATCGTTCGC GGAAGTTATG	2880
	CTAAAAAGTT ACTAATGTCA GCAATGATTG GTGCCATATC AATTGTTATT GCAGACTTAA	2940
40	TTGGGCGTAC CTTATTCTTG CCTAAAGAAG TGCCAGCAGG TGTATTTATT GCTGCTTTTG	3000
	GTGCCCCATT CTTCATATAC TTATTATTAA CCGTGAAAAA GTTATAACGA TATTATTAAA	3060
	ACAAAATGAC CTCACAACGA AGTTAGCTAA ATGATTTCAGT TAACTAACCG TTGCGAGGTT	3120
45	TTTTTATACA TATAGTTGTT GTTATTGTTA ACAAGCGTCG ACTTTCTTAA TTACATATTA	3180
	ATACTTTATA TACAAATAAC ACCGACTCAT ATTCTATAAT ATCAATCAAT ATTCTTCGAT	3240
50	TTTTCAAATA TCGATAACTA TTTCTTATTT AAATATAGTG TTTGATAATG TCATTTATTC	3300
	AAAAACACAA ATTTTAATAA AAATATCATA TTATTTTAA TTGTAAATTA TGGATTATTT	3360

ATATAATAAC CATGACAAAA TTAGAGATTT TATAATCATT GAAGCATATA TGcncTCGTTT 3480  
 TAAGAAAAAA GTCAAGCCTG AAGTCGATAT GACTATAAAA GAATTTATAT TACTGACTTA 3540  
 5 TTTATTTTCAT CAGCAAGAAA ACACACTTCC ATTTAAGAAG ATTGTTTCAG ATTTATGTTA 3600  
 TAAACAATCG GATTTAGTAC AGCATATAAA AGTACTTGTG AAACATTCAT ATATTAGTAA 3660  
 AGTTCGAAGT AAAATTGATG AGCGTAATAC TTACATTTCA ATATCTGAAG AACAAcNAGA 3720  
 10 nAAAATTGCA GAACnTGTTA CATTGTTTGA TCAAATCATT AAACAATTTA ACCTT 3775

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 239:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1361 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 239:

AGAAAAATTA GCCTACCTAT GCAAGTTGTT ATTGCATTAG TGTTAGGTGT TGTCGTAGGA 60  
 25 CTTTTATTAT ATGGACAAGA AAACGTAGCA AATTACATTA AACCATTGGG TGACGTATTT 120  
 TTAAATTTAA TTAAATGAT CGTTATACCA GTTGTATTTT GCTCACTAGC GCTTTCTATT 180  
 TCGAACGTTG GCGAATCGAA AACTGTAGGG CGTTATGGCT GGaAAACAAT TTTATACTTT 240  
 30 GAAATTATTA CAACAATCGC AATAGGTTTA GGGATTATCT TCGGTAACCT ATTTAAACCA 300  
 GGTGCTGGAT TAGACCCAAC AAAATTACCT AAAGGTGATA TTTCTAAATA TCAATCAACT 360  
 GCACATGCAG CAGAACAATC TACATATGGa AATCATTTTA TTGATACCAT TGTACATATT 420  
 35 ATTCCGACAA ACTTTTTTGA AGCTTTAAAT AAGGGTGAAT TATTACCTAT TATCTTCTTC 480  
 GCAGTATTCT TTGGATTAGG ATTAGCTGCT GTAGGTAAAA AAGCAGAACC AGTTAAAGAA 540  
 TTTTTAAGCG GATCGCTTGA AGCTGTGTTC TGGATGATTA ATAAAATTTT AAAATTAGCA 600  
 40 CCACTTGGAG TGTTTGCATT CATTGTACT ACAATTATTA CATTGGGTGC ATCCGCATTA 660  
 TTACCACTAT TAAATTAGT ATTAGTTGTT GTCTTTGCAA TGGTGTCTT TGTATTGCT 720  
 ATACTAGGAC TAGTTGCATG GATGTGTGGT ATTAATATCA TGAATATTAT TAGAATCTTG 780  
 45 AAAAGTGAAT TGCTTTTAGC ATTTTCTACA TCAAGTTCGG AAGCTGTACT TCCTGTAATG 840  
 ATGAAGAAAA TGGAAACTT CGGTTCTCCA AAAGAAATTA CTTCTTTTGT TATACCAATT 900  
 50 GGTATACGT TTAACCTAGA TGGATCAGCA CTTTATCAAT CTATTGCAGC ATTATTCGTT 960  
 GCACAGATGT ATGGAATGCA CTTAACATTA TCAGAGCAAA TTGTGTTGAT GTTAACATTA 1020

ACATTAGGTG CCATGGGCTT ACCGGCACAA GGTTTAGCAT TAATTATTGG TGTGACCGT 1140  
 ATCTTAGATA TGGTACGTAC ATGTGTAAAC GTTATTGGTA ATGCATTATC AACAAATCGTT 1200  
 5 ATAGCTAAAT GGGAAAACGT ATATGACAAA GCAAAAGGTC AAGAATATTT AAAATCAATT 1260  
 TAAAAAATAC TATCTGACAT TTAArGnCCC TTACAACCTT TGGTTgTnAG GGCTnTTTTA 1320  
 TGTCAATGCGT CTTAAAGCCA GGCCGTATA<sub>1</sub> CGGTAAGCGT A 1361

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 240:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1489 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 15 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 240:

20 TCAATATGTA AATCGGCGAT TGTCCCTATC tTCATACCCT TACCTTCTTT ACTCAAATTA 60  
 AAATGTTATT TATTATGCCA TaGCTTATCT AATATATATA GTTAACTGCT TCATTTAGAT 120  
 25 GATTATTTTA TATTTTGGCA TAAAAACTTA TATCTTTTCA AAAAAATCGA TAAGTTTtag 180  
 TTATCATACC CTTACCTATC AAATGTTTTT TCTTATATTT AAAAAAATAA TTGCTTTATT 240  
 AAATGGATTT CTTTAGTATT TATAATTAAG AAAACGCTTA CACACAACCT TTTTATTGTC 300  
 30 TTTATCCTGA GGAGGAAAT TATGGCAAGA AAATTGCATA GAGAGTTGAA TAACAGACAC 360  
 ATCCAATTAA TAGCAATTGG GGGCGCAATT GGAAGTGGGT TATTCCTAGG ATCAGGTCAA 420  
 ACAATATCTT TAACTGGTCC ATCACTGTTA TTCACATACA TGATTATTGG GGTTGTACTA 480  
 35 TTCGCTTTTA TGCGCGCATT AGGCGAATTG TTGTTGAGCA ATACAAGATT TAATTCATTT 540  
 GTTGATATTG CAAATGAATA TTTAGGCCCT TTTGGTGGCT TTGTCATTGG CTGGACTTAC 600  
 TGGTTATGTT GGATTGTATC AAGTATGTCA GACCTAACTG CGATGGGACA ATACTTTGCA 660  
 40 TTTTGGTATC CACAAGTCCC AAATTGGATT ACCGTGCTAT TTATTGTTTT AATCTTGATT 720  
 AGCTTCAACT TATTAGGTGC CAGATTATTT GGTGAAGTGG AGTTTTGGTT CTCGATTATT 780  
 AAAGTTGTCA CAATTATTGC GATGGTTATC GTTGGTCTTG TATTAATCTT TTTCTCATT 840  
 45 AAAACACATT ATGGACATGC ATCATTCACA AACTTAATCA GTCACGGTGG CATGTTCCCT 900  
 GGTGGAaCAT TTGGTTTCTT AATGTCATTC CAAATTGCTG TATATTCATT CATTGGTATT 960  
 50 GAACTTATAG GTGTAACTGC TGGTGAAaCG AAAGATCCTG AAAAAACCTT ACCGAAAGCA 1020  
 ATTAATAATG TACCTATCCG TATTTTATTA TTCTATATCG GTGGTCTATT AGTAATTATG 1080

TTAATCGGCG TACCATTTCG AGCAGGTGTC GTTAACTTTG TCGTGCTAAC TGCCGCGGCC 1200  
TCTGCTACAA ATAGTGGTAT CTATTCGAAT AGTCGTATCT TATTCGGACT GTCACAACAA 1260  
5 GGGTTAGGTC CTAAAGTTTT AAATAAAACG AATAGTCATG GCGTGCCTTA TTTATCAATG 1320  
TTAGTTTCAT CAATTGCATT ACTTATAGCA GCCTTGTTAA ACTACATTTT CCCTAATGCA 1380  
ATTCAACTAT TCATATACGT TACAACGTTA tCAACTGTGT TGTTTTTAGT TGTtTGGGCA 1440  
10 ATGATnATTG TCGCTTATCh AATGTATTTG GAAAAAGCAT CCTGAGGCA 1489

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 241:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5000 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 241:

TTTTCCATCA TrATcACCAT TTAAGACAAT AGCTGTATGA CCATATCCTC CACCAAATCT 60  
25 TCCACTAAAA ACCACTAAGT CCCAGGTTT AGCTTTGAAA GTTGGTGTGT TGTGATAAAT 120  
TTTAGCTTCA CTATTAAAT TATTTGCATA TGGTATATCT TTAGCTCCAT ATCCTTTtAA 180  
TCCAKGACCA TAAAGAkGAT TCCAATATAC ATTAACATAA TCGAAACATT GCCATCCATA 240  
30 ACTACCGTCG AAATCCCATC CTCTATTCTC TAATGTTTTT AAATAATTTA ATGTACTGCT 300  
ATTACTATTA CTTTTATTAT TTGAAGACAC TGTTTTTGGT TTTGGTTCTA CTAATGGTGT 360  
CATTGGCACT TTTAATTTTT GACCAATAAA TATTAAATTA GGATTGCTA TATTATTTGT 420  
35 ATTTTGAATA TTTGAAACTG TAGTTTTGTA TTTAATGCT ATAGCACTAA GTGTGTCTCC 480  
TTTTtTACA GTATAGATTG TGTTTTTGG AGCTTCTCTA AACTGTAGT AACCAAAGTA 540  
ATTATTAGTA ACTTTATTCG TTTTCTTCTG ATTAGAATTT TGAGCTTCCA AGTTTGCAAT 600  
40 TTTAATTTCT TTAGTAAGTT CATTGTTATT AATAACTAGA TTGTTACCTT GGCTTGAGTT 660  
TTTCGGAGTA TTTGAAATCT TTATATCTTG ATTAATTTCA TTTCCGTTTG AAATTGCTGA 720  
TTTGTTGTCT AACTTTAAAC TTGTGTCCGA TGTTTTAACA GCACCTTCAT TTTTATTTT 780  
45 GTCTTTTGTC GTATTTTTAT TAGCATTAA CTCTGATTTT CGGAATACAT TTTGCTCATA 840  
CCCTCTTGTA AAATCTTTAG ATTTATCAAT TTCATCTGCA TATGCTTTGT TCGACATACC 900  
50 CAATGCCAAA AACATACCTA TTGAAATTGA CAAAATTCCA ATACTAACTT TTCTAATTGA 960  
ATAGCGTACT TTACTTTGTT GTTTATTCAT GATGAAACAC TCCTTACAAT AATATACAAA 1020

	GTAGGAGGTA AAATAATTAA CTTGTCTTTC CAAAATATGA AAAGTGTACT AAAaTTCATC	1140
	GCACGACAAA TAGCCCATTT CCGATACTTT TATAAAGTAT GGAaTGGGCT ATAGCCATTT	1200
5	ATATCATCTT TTAACCTTAT TTATTAACAG TTAATAATGA TTCATAAATA CCTGCTTCTT	1260
	TAGCAGCTTC AATTAATGTT GAACCAATTT CTGAAGGTGT TGCCGCTGTT TTCACACCAC	1320
	AACTATTTAA TGTTTTAATT TTCTCTTCAG CAGTACCTTT ACCACCTGAA ATGATTGCAC	1380
10	CAGCATGTCC CATACGTTTT CCAGGAGGTG CTGTTTGTCC ACCGATAAAG CCTACAACCTG	1440
	GTTTTGTCAT ATTGCTTTA ATCCATTTCAG CTGCTTCTTC TTCAGCCGTA CCACCGATTT	1500
	CACCAATCAT AACAACTGCT TTCGTTTCGT CATCTTCATT GAATGCTTTT AAAACATCAA	1560
15	TAAAGTTTGT TCCGTTGACT GGGTCTCCAC CAATACCAAC AGCTGTAGTT TGACCAATAC	1620
	CTTCTTCAGT CAATTGGTGC ACTGCTTCAT ATGTTAATGT ACCTGAACGA GATACTACAC	1680
20	CAACATGACC TTTTTTGTGA ATATAGCCAG GCATAATACC AATTTTACAT TCATCTGCTG	1740
	TAATCACACC TGGACAGTTC GGACCAACTA AACGTGTTTT TCTACCTTGT AAGTAGCGTT	1800
	TAACTTTAAC CATGTCTAAT ACAGGAATAT GTTCAGTGAT ACAAATAACC ATATCTAAGT	1860
25	CTGCATCAGC TGCTTCTAAA ATTGAGTCTG CAGCAAATGG TGCTGGAACG TAAATGACTG	1920
	AAACCGTTGC CCCAGTTTCA TTTTITAGCTT CTTCAACAGT GTTGAAAACA GGAACGCCTT	1980
	CAACAACTTG ACCACCTTTA CCAGGCGTCA CACCTGCTAC TATTTTCGTA CCATAATCAA	2040
30	GCATTTGTTT TGTATGGAAA AGGGCAGTAG ACCCTGTAAT ACCTTGTACC ATTACTTTAG	2100
	TATTCTTATC TATAAATACA CTCATCTTAG TGCTCCCATC CTTTCCTTAT GCTTCTTTGA	2160
	CTAGTTTAAC AATTTTTTGT GCACCTTCAG CCATTGTTGC TGCTGGTTCA ATTGCTAATC	2220
35	CTGAGTCTTT TAAGATTTTT TTACCTAACT CAACATTTGT ACCTTCTAGG CGTACAACCTA	2280
	GTGGTAAAGT TAAATCTACT TCTTTTACAG CTTCAACGAT ACCTTCTGCG ATAACATCAC	2340
	ATTCATAAT GCCACCGAAA ATGTTTACAA AAATACCTTT AACATTTTCA TCACCTAAAA	2400
40	TGATTTTAAA TGCTTCAGTT ACTTTTTCTC TAGTAGCGCT TCCGCCTGCA TCTAAGAAAT	2460
	TGGCTGGGTT TCCACCGAAA TGATTAATCG TATCCATTGT TGCCATGGCT AAACCTGCAC	2520
45	CATTAACCAT ACATCCGATG TCACCATCTA ATGCAATGTA TGATAAATCA TGTTTAGACG	2580
	CTTCAATCTC TTTCGGATCT TCTTCTTCTA AATCACGTAA TTCTACAACA TCTTTATGTC	2640
	TGAATAATGC ATTATCATCA AAATTAATTT TAGCATCTAA TGCCAATACA TCACCATCAG	2700
50	CTGTTGTAAC TAATGGGTTG ATTTCTACGA TTGAACAATC TTTTTCATG AATACATTAT	2760
	AAAGTGCTAA TAAGAATTTA GCAGCTTTGT TAACAGATTC TTTAGGAATA TTAATATTAA	2820



	AGATCTTTTC AGGAGTCTTC GCAGCAACTT CTTCAATCTC AGTGCCCCCT TCTTCAGACG	2940
	CCATCAATGT TACTTGGTCA GTCGCACGAT CAATAACGAA TCCAACGTAA TATTCTTTTT	3000
5	GAATAGCACA ACCTTCTTCG ATATATAAAC GCTTAATTTT TTTACCTTCT GGACCAGTTT	3060
	GATGTGTCAC CAAAGTTTTT CCTAATAATT CTTTTCGATA TGTTCCTACC TCAGATAAAG	3120
	ATTTAGCAAT TTTTACTCCG CCTGCTTTAC CTCTACCTCC AGCATGAATT TGTGCTTTTA	3180
10	CAACATAAAC ATCAGAATTT AATTCTTTTG CTTTCTCCAC CGCTTCTTCA GCAGTAAATG	3240
	CTACTCGTCC TTCTGGAAC GCAACGCCCA TTGAACGAAA TATTTCTTTA CCTTGATACT	3300
	CGTGGATATT CATCTTCCAT CCTCCTGTTA CTTAGGTAA GTTCCCTTAC AATTATAAAA	3360
15	AATGTAAGCG CTATTGTAAA CTAAATGCT ACTTTTTTAT CATTTAATTG AATTTTACGA	3420
	TTTACAGTAA CGATTTTATA GGTTCAAAGC TTTTCTATG CTCTTTCATA ATGCCAATAT	3480
	CATCGATTGC TAGTAAATGT TGTTCGGTAC CGTAACCCGC GTTTTTTTCA AAACCATATT	3540
20	CAGGATAATC TTTAGATAAC TGTGTCATAT AATCATCAG AAAACCTTT GCCATGATAC	3600
	TTGCAGCTGC AATGGACACA CTTCTTGCA CACCCTTGAT TAAAGATACT TGAGGCAGTG	3660
25	CATTATCAAG CGTCATCGCG TCTATCAATA AATGCGTTGG TTGTACTGAT AATCCATCAA	3720
	TAGCTCGCTG CATGGCGATT TGAGTAGCTT TATAAATATT AAATTCATCT ATTTCTTnCA	3780
	GtGTCGCGAT CCCATATGCA AAAGCAGTAA CTTCATTTTT TAGTGCTTCA TTTAATTCTA	3840
30	GACGTTTCGT AACAGGTA CT TTTTCGAGT CATCAAGGCC CAAATAATTG TGATTTGAAT	3900
	TTAAAATTGT TGC GCATGCA ACGACTGGAC CTGCTAAAGG TCCTCTTCCA ACTTCATCAA	3960
	TCCCACAAAT AATAGCATTG GATGCTCTT TTAATATTTT ATTTTCAAAG TAAGTCATTT	4020
35	CAACATACTT TTCTTTTAAA GCTTGTTCTT TTTCTAACGC TTTTCTGCGC CTAGCTATGG	4080
	CATTTTGAAC ACCTTTTCGC TCATCTAAAA AGCATTCATG ATTTTCTAAT TCTTCTATTG	4140
	TATTAACCGC ATTAATCAAC TGC GTAACTT CTTTAATTGT TAGCGTCATT TGCTAATTCC	4200
40	TCAGTCATAT CTTTAAAAAT ATCAAAACAA TAATTTCTTA TTTTAGCATT TCGAATATCA	4260
	TAAATAATCA GTTCAATGAC TGCTTCGTAA TCAATTTTCA TACCACGTCG AATTAAGCCC	4320
45	ACGTTTTTTC CCTATCGCAT CAAACCACGC TATGATTTCT GCATCTTCAG GAACTTCAAT	4380
	ATTATAATGT GACTTTAATC GCGCTAAATC ATTTTGAATT AAAAAGTTTA ATCCATAGAT	4440
	GGCAACTTCA TCTAAGTGCA CAATACTATC TTTTATCGCA CCAGTTAAAC TCAACTTCTT	4500
50	ACCGACTTCT TCATCTTCAA ATTTAGGCCA AAGTATCCCT GGTGTGTCTA ATAGTTGTAA	4560
	TGCATTACCA ACTTTAATCC ATTGTTGTTG TTTGGTCACA CCTGGTTTAT TACCAGTCTG	4620

55

AACGATCATT GCTCTTATCG CTCTAGGTTT AAGTCCTTTC GCTTTTTCGC GTTCAAATTT 4740  
 TTCAGCAGTC GCCTTAATTG CTGCAGCTTC CACTTCTTTT AAATTTTTTAC CGTGCTTAGC 4800  
 5 ATCCACTGAT ACAGGATAgT AtCCCTTTATC AATAAAAAAT tGTTCCCATTT TTGACATCTC 4860  
 ATTTAAATTA GACATATCTT TTTTATTTAA TATAACAACA CGTGGTTTTT GGTAAATAAC 4920  
 TTCATCTATC ATAGGGTTTC TTGAACTATA TGGAATTCTT GCATCTACTA GTTCAAACAC 4980  
 10 TACATCTACT TTTTAAATT 5000

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 242:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 15 (A) LENGTH: 1700 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

20

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 242:

AACCCGnAGA CGAAACTnCA TAGTTGCCTG TTATGTTGAT TAGTGCCTTT GTAGCTATTT 60  
 25 nAAATCAAAC ATTATTAAAT ACAGCGTTac CTAGTATAAT GAGAGAATTA AATATCAATG 120  
 AAAGTACATC GCAATGGCTA GTTACTGGGT TTATGCTTGT TAATGGCGTC ATGATACCTC 180  
 TGACGGCATA TCTAATGGAT AGAATTAAAA CTAGACCTTT ATACTTAGCG GCGATGGGGA 240  
 30 CATTTTTATT AGGTTCTATT GTTGCAGCCT TAGCTCCGAA TTTTGGAGTT TTAATGTTAG 300  
 CTCGTGTAAT TCAAGCGATG GGTGCAGGCG TACTTATGCC CTTAATGCAA TTTACGTTAT 360  
 TTACATTGTT CAGTAAAGAA CATCGAGGTy TtGCAATGGG ACTAGCAGGT TTAGTAATTC 420  
 35 AATTTGCACC AGCAATAGGA CCTACAGTTA CAGGATTAAT TATTGATCAA GCGAGTTGGC 480  
 GAGTtCCATT TATTATAATT GTAGGAATTG CTATACTTGC CTTTGTTTTT GGTTTGGTTT 540  
 CAATCTCGAG TTACAATGAA GTGAAATATA CGAAATTAGA TAAGCGTTCA GTAATGTATT 600  
 40 CAACTATTGG GTTCGGGTTA ATGCTATACG CATTTAGTAG TGCAGGAGAT TTAGGATTTA 660  
 CAAGTCCAAT AGTAATAGGT GCGTTGATAT TAAGTATGGT TATTATCTAT TTATTTATAC 720  
 GTAGACAATT TAATATTACT AATGCACTTT TAAATTTAAG GGTTTTTAAA AATAGAACAT 780  
 45 TTGCATTATG TACGATTAGT TCAATGATTA TAATGATGTC AATGGTTGGA CCTGCGCTGC 840  
 TTATACCGCT ATATGTTCAA AACAGTTTAT CTTTATCTGC CTTGTTATCA GGACTTGTTA 900  
 50 TCATGCCTGG TGCAATAATA AATGGTATTA TGTCAGTTTT TACAGGTAAA TTTTATGATA 960  
 AGTATGGTCC TAGACCATTG ATTTATACTG GTTTTACAAT TTTAACAATT ACTACAATTA 1020

55

GAATGTTTTTC AGTTTCTTTA CTCATGATGC CGATAAATAC TACAGGAATT AATTCTTTGA 1140  
 GAAATGAAGA AATCTCACAT GGCACGGCTA TTATGAACTT TGGTCGTGTA ATGGCTGGTT 1200  
 5 CACTAGGCAC AGCTTTAATG GTTACATTAA TGAGTTTTGG TGCAAAAATA TTTTATCTA 1260  
 CATCGCCATC GCATTTAACT GCAACTGAAA TTAAACAGCA ATCCATTGCT ATAGGGGTGG 1320  
 ATATCTCATT TGCTTTTGTA GCTGTGCTTG TTATGGCAGC TTATGTGATA GCACTTTTTA 1380  
 10 TAAGAGAACC TAAAGAAATA GAAAGTAATA GAAGGAAATT TTAAATAAT TATAGTAGTT 1440  
 GGTCTATTTA AAATAATAGG CTAAC TGCTT TTTTATTTA ATAAAAAGTT TTATACTTTT 1500  
 AGTGATAGAC TAAGCAAAAA TTGTTATTTG CTATGATGTA GATGTCTTAA AATGATTAAG 1560  
 15 GGGGATTGTC TTTGTTAACG GTAGATCAAG TGAAAGAATT GGTAGGAGAA ATTAAAGATC 1620  
 CTATTATAGA TGTGCCTTTA AAAGAAACAG AAGGTATTGT TGAnGTTTCT ATTAAGGGAG 1680  
 20 AAnAAGAACA TGTGAGTGTT 1700

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 243:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

25 (A) LENGTH: 10146 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 243:

30 TGCATCAACT TTCAAACAAT AAATCATCAC AATAACCACA CCTAATTCAA CACTTTTCAA 60  
 ACATAAGTAT TGACACATTG AGCAAAATGA TTTTAAATTG TAACTAATAC AGTTACAATT 120  
 35 ATGAGGTGAG AAACATTGAA TTTAGAATTT AACATTGCCG TGCATGTATT AGCTTTTTTA 180  
 ACTAAGCATC aTTCAGAAAA ATTCAATAGT AGTTCATTAG CAGAAaTTAaC TTGTTTAAAT 240  
 CCTGTTCAAT TACGACGCGT GACGACTCAA CTTGTGCGATT TAAAAATGAT TGACACAATA 300  
 40 CGAGGTAAAG ATGGCGGTTA TTTAGCAAAT GATCAAAGTG CTGATGTCTC TCTAGCAACA 360  
 TTATaTAAAC ATTTTGTCTT AGAGAAAGAA CACCACACAC GTCTATTTAC TGGCGACGAA 420  
 45 GGCAGTCACT GTCAAATTGC TCGTAATATT GCAACTACCA TGTCACATTA TCAGCAAGAC 480  
 GAACAGAATA TCATTATTAA TTTTATAAT GGAAAAACAA TCAAAGATGT CATTGAAGAC 540  
 ATTCAAAGG AGGATTTATG TCATGAAAAC ATATGATTTA ATTGTAATAG GATTGGGAA 600  
 50 AGCTGGTAAA ACTTTAGCGA AATACGCTGC ATCAACAGGT CAACACGTCG CAGTTATCGA 660  
 ACAATCTCCG AAAATGTATG GAGGCACTTG TATAAACATA GGATGTATAC CTTCGAAGAC 720

55

	TGTTGTCAAT GCGCTAAACA ATAAAAATTA CCACTTATTA GCAGACGATA ACAACATTGA	840
	TGTACTGGAT TTAAAGCGC AGTTTAAATC TAATACTGAA GTGAATTTAT TAGATCAACA	900
5	TGACGATATC GTCGATAGTA TTA CTGCACC TCATATCATT ATTAATACCG GTGCTACCTC	960
	TGTCATTCCCT AACATTAAAG GCCTTGATCA AGCTAAACAC GTCTTCGATT CGACAGGTTT	1020
	ATTAAACATT AGCTATCAAC CTAAGCACCT CGTTATTGTA GGTGGCGGTT ATATCGCCTT	1080
10	AGAATTTGCT TCAATGTTTG CGAATTTAGG TAGTAAGGTA ACAGTATTAG AACGTGGCGA	1140
	ATCATTATG CCACGCGAAG ATCAAGATGT CGTTGCATAT GGTATTACTG ACTTAGAAAA	1200
	TAAAGGCATT GCATTGCATA CAAATGTTGA AACGACTGAA TTGTCATCTG ACAATCATCA	1260
15	TACAACAGTC CATACCAACG TTGGTAACTT TGAGGCTGAT GCAGTACTTT TGGCTATCGG	1320
	GCGCAAACCG AATACGGATT TAGCTTTAGA AAATACTGAT ATCGAATTAG GCGACAGAGG	1380
	CGAAATTAAA GTCAATGCTC ATCTTCAAAC AACTGTGCCG CATATTTATG CTGCAGGTGA	1440
20	TGTTAAAGGC GGACTTCAAT TTACGTATAT ATCTTTAGAT GATTATCGAA TTATCAAATC	1500
	AGCGTTATAT GGTAATCAGT CACGTACGAC TGACAATAGA GGCAGCGTGC CTTATACAGT	1560
25	ATTTATAGAT CCACCATTAT CACGTGTTGG ATTA ACTAGT AAAGAAGCTG CCGCTCAACA	1620
	TTATGATTAC ACTGAACATC AACTTTTAGT AAGTGCTATA CCTCGTCATA AAATTAACAA	1680
	TGATCCAAGA GGTTTATTTA AAGTAGTCAT TAATAATGAA AATAATATGA TTTTAGGTGC	1740
30	TACATTATAT GGTAAGCAAT CTGAAGAATT AATTAATATA ATTAACTTG CGATTGATCA	1800
	AAACATTCCA TATACCGTAT TACGAGATAA TATTTATACG CATCCTACGA TGGCCGAATC	1860
	ATTTAATGAT TTATTTAATT TCTAGACAAA ACATAAAAAC CTGGTGGCAC GCATTGAATG	1920
35	ATGCTGCCAT CAGGCTTTAT TGTGTGCTT TTCGCTTTTC TAATTTTTCT TTAAGCTTTC	1980
	TATCTGTGTTT TTCTTTACGA CGTTTACGTT CTTGATGTCG TTTTCTTAAA CGCTCTTCTT	2040
	CTTCAGGATC ACGTGGTTTC TTTAATTGTT GAGAACTTT TTCGATTAAT TCTTCTTCAG	2100
40	TAAGCGCagc CAGTGGGCGG TTATTAACAA AAGTGAATGT TTTTCGGCGT CCAGGTCCAC	2160
	AATAAGATTG ACAACCTATC ACGATTTGAG CATCGGGATC TAATTTTTCC AACTTCTTTT	2220
45	GTAACGTTCT TATATTGACT GCCTGACATT CATCACAAT AAGGAATGTA TTTTTCATAT	2280
	TGCTACCCAC CTTTCTTTAT CATATCTATA TCGTCGATTT CATTAATTTT TTCGTAACT	2340
	CTATCTATTT TACTCTTTTT AATATTTTTT TCAAGATACG TAACACGGCT GaCAATAAAA	2400
50	AATGGAGCAT TTATCTTCTA ATTAAATTAG ATGaTTGCTC CCCTATCAAA TCATTTATTG	2460
	CCCATGATAA ATATTAAATT TTAATGGTTT AATACCATGT TTTGTCCATT CATCATAAAT	2520

55

	TGATGTTTTA GATGCGCCGT GATACTTTTC AGCAATATCA CACAAATATT TTAGCTTTTC	2640
	AGTTTCTATA TCAACTGTAG CTTCTTTATC CATACTGTTGA ATAATTGTAC GATTCTGACG	2700
5	CACCATCTTT TGCACACCTT TAATGTTATT TGTTTTAAAA GCATGAATAA GTTTTTCAAC	2760
	ACAACGATGT GAATCTTCTA AGAAGTCACC GTAAAATGAA GGATCTGATT TCAAACGTTT	2820
	CACTTCGCTA ACAAAGTGTG GTGATGACGC CGGTGAGCCA GTCCAACCGA TAAGTACTTC	2880
10	CATATTTTCA GGTGCTTGTA ATGGTTCGAT GTGCAATCCA GGCCAGTTTT TGATTAAAAC	2940
	TTCTTCAACC GTAGTATCTT CAATTTGATG CTTAACCCAT TCATGATCAA AAGTACTATA	3000
	CGCTAGCCAT CCACTATATA CACTCACAGC AATATCTCCG CATGAACTTA AACTTTGTAA	3060
15	CTTCATATTT GCAATCACTG CTAGTTTATA AATGTATAAA TTAGATAACT TCATATCATA	3120
	AAATTCATTT AATACTTTTA TAACTGACAC AAGTACTGCT GCACTTGAAC CTAATCCATA	3180
20	TTTATGACCA TTTGAATCAT CTAAATTACT ATCAATAGTC AGATGAAAAT GCTTCATCGC	3240
	TATATCGCAA CTTTTCGCGT ATTGTTCAAA TATTTCAATA GCTGTGACCA CATAATTTAA	3300
	TTGTTTTGCT GcATGTGGAT CTGAAATGAC AATACTATCT TCATCTCTAC TAAATGTAAC	3360
25	TGGGTTATGA TGTAATGCTT TTGAATGAAT GGTACCTTTA TATTGGTCTG CTTCTTCAAT	3420
	AGTAGCAGTT ACAAACGAT CTAACGCAAT AAGTACAGAT TTATATCCTG GTTCTGTTAC	3480
	AGCATATTCT CCAGCAATAT AAAGTTTTCC GGGTGCTTTG ACCTGAATCA TTTTATCTCT	3540
30	TCCTTACTCA ATTATTTCAA TTCCTGTGGC AATAATGTCA CTATCAATAA TTTGGTTATT	3600
	ATCAAACGTG GTTAATAATT TATCTATAAT CTGTTGCTTG TTTTTCTTTT CTACAAGTAT	3660
	TTTCACATTA GGTCCCGCAT CCATTGTAAA ATAACACGGA TACCCCGCTT CTCGGCATTC	3720
35	GTGAACAAGC GCCATGACAT CATAACTTTC TTGCACAAGA TATGTGAACG GCGGTGTTGA	3780
	TCCTAGATTG GTGGCATGCA TACGCAAACC ATTTTCTTCA ATTACTTCAC CAAGGCGTTT	3840
	AAAATCTTTG TCTTGAATCG CTGCTTTTGC TTCAGCTAAA TCTTCATCAA TATGATCTAA	3900
40	CCAATATTGA TAAAACCTTG ATGTGTTTCG TGTCAATGAC ATACCATATC GACTAGGTAC	3960
	CTTTTTAGAA TGTGATTAA TCACAACAAA TATCATGGCA AGGTCATCTT CAAAATGATT	4020
45	CGATTCAAGT GGAACGGCAT ATGACGTCTC ATCACTATAC CCTTTTCCC ATTCTGCAAA	4080
	TCCACCATAA ATACTACGCG ACGCAGAACC CGAACCAATT CGCGCCAATC TCGATAAATC	4140
	CTTATCTGAC AGCTGCATGT CTAGCGCTTG ATTACAAGCT GCTGCTAAAG CTGCATATGC	4200
50	GCTTGCCGAT GAAGCCAACC CTGCTGCTGT TGGTACAAA TTGTCGCTTT CAATTTCTGC	4260
	ATACCAATCG ATGCCAGCTC TATTTCTGAC AATATCCATA TATTTTGAAA TTTTCTCTAA	4320

55



	AAAAGTGA	CTTTCAG	TGTAAATTT	TTCTAATGTA	ACAGATATGC	TATTATTCAT	4440
	TGGAATGATT	AGTGCTTCAT	CTTTTTTACC	CCAATATTTT	ATAAGTGCAA	TATTCGTATG	4500
5	TGCACGTGCT	TTGCCACTTT	TAATCAACGC	ATTAACCTCC	TAAATTCTCA	ATCCAAGTAT	4560
	GTGCTGCACC	AGCTTTTTCT	ACAGCTTTTA	CAATATTTTT	CGCTGTTGGT	AAATCTTTGG	4620
	CAAGCAATAA	CATACTTCCA	CCACGACCAG	CGCCAGTAAG	TTTTCCAGCA	ATCGCACCAT	4680
10	TTTCTTTACC	AATTTTCATT	AATTGTTCTA	TTTTATCATG	ACTAACTGTC	AACGCCTTTA	4740
	AATCCGCATG	ACATTCATTA	AAAATATCCG	CTAAGGCTTC	AAAGTTATGA	TGTTCAATCA	4800
	CATCACTCGC	ACGTAAAACT	AACTTACCGA	TATGTTTTAC	ATGTGACATG	TACTGAGGGT	4860
15	CCTCACAAAG	TTTATGAACA	TCTTCTACTG	CTTGTCTTGT	TGAACCTTTC	ACACCAGTAT	4920
	CTATAACAAC	CATATAGCCG	TCTAAACTTA	ACGTTTTCAA	CGTTTCAGCA	TGACCTTTTT	4980
20	GGAACCAAAC	TGGTTTGCCT	GATACAATCG	TTTGCGTATC	AATACCACTT	GGTTTACCAT	5040
	GTGCAATTTG	CTCTGCCCAA	TTAGCCTTTT	CAATGAGTTC	TTCTTTCGTT	AATGATTTCC	5100
	CTAAAAAATC	ATAACTTGCA	CGAACAAAAG	CAACCGCGAC	AGCTGCACTC	GATCCTAATC	5160
25	CACGTGATGG	TGGTAAATTC	GTTTGGATCG	TTACTGCTAG	CGGCTCTGTA	ATATTATTTA	5220
	ATTCTACAAA	ACGGTTCACC	AAAGACTTAA	GATGGTCAGG	CGCATCATAT	AACATACCAT	5280
	CGTAAACATC	GCTTTTAATA	GACGAATAGT	TCCCGCTCTC	TAAGGCTTCT	ATTAAAACTT	5340
30	TGATTTTACC	TGCGTTAAAC	GGTACTGCAA	TAGCAGGCTC	TCCAAATGTA	ACAGCATGTT	5400
	CTCCTATTAA	AATAATCTTA	CCTGTGCGATT	CCCCATATCC	TTTTCTTGTC	ATGTCAATAT	5460
	CACCTTTTAT	ATTTATCCTA	TACTTGATTG	ATTATTTTTA	TTTATTAGTA	AAAGACATCA	5520
35	TATTCTAAGT	TGCAATGTCAT	TCGCGTTAAA	TTTCATTGCA	GTCTTTATCT	CACATTATTC	5580
	ATATTATGTA	TAATCTTTAT	TTTGAATTTA	TATTTGACTT	AACTTGATTA	GTATAAAACT	5640
	AACTTTCGTT	TACTTCAAAG	TTTAAATCTT	ATCGAGTGAT	ATTTTCAGATT	CTTTATCTTT	5700
40	TTATAAAATA	GCCCTACAAT	TTATAATTTT	CCACCCTAAC	TATAATACTA	CAAATAATAA	5760
	TTGGAATATA	TAGATTTACT	ACTAAAGTAT	TAGAACATTT	CAATAGAAGG	TCGTTTCTTT	5820
45	CATAGTCATA	CGCATTATAT	ATACCCTATT	CTCAATCTAT	TTAATACGTA	AAACATGAAA	5880
	TTTTCTTATT	AAATTTATTA	TTTCCATCAT	ATCATTACTT	TTAATTTAAT	GATGTTCAAT	5940
	TTAAATATTA	GGTCAATAAC	ATATTTATGC	TTTTTATGGA	TACTTTCAAA	AATAACAGCC	6000
50	CCAAACGATA	ACTTGAAAGG	GGCTGTAAA	TATTTAACTA	TTGCATTTGA	TCTATCATTT	6060
	TCTTGTTTCT	TTCAATCATT	TTATCAAAAT	ACGTATCGTA	TCTTTGCCAT	TCTTCTTGAG	6120

55

	TTACATCTTG AACAGTAATC GTTTTGTAA GCAATGTCTC TAATGAGGCC ATACAAGATG	6240
	GTTCAATTTT AGGATATTTA AATTTAGTCA CTTACCTTT TAAAGCATGT TCATAAAATG	6300
5	TTTGCATCAT CAATGCACGT TCTGAACCAG AGCCTTCAAC ACAAAGATAA ATTTGTACAG	6360
	CAATACCGCC TCTAACTCTT CGTTGCGATA TGCCTGCAAA TTTCTTACCA TCGATACTTA	6420
	AGTCAAATTT TCCTGGGCAA TAAGAATGTT CAATTTCCAT CGTATCAATA TCAACATTCT	6480
10	CATTTTCGAA CATTTTGCTA ATTAAGAGGT ACATCACAGT AAACGCTTCA TCAATCGTTG	6540
	TTTCTGTTTG TCCTTTGAAC ATCAGCGATA TATTTAATAC ACCTTGATCT AGAACGACAC	6600
	CTAAGCCACC AGAATTTCTA ACAATGGCAT TATAACCAAT CTCATTCGTT AAATAATCAA	6660
15	TGCCATCTTT TAAAAACGGC AATCTTGAAT CATGAATACC AAGAATAACA GTATGTTGAT	6720
	GAATCCAAGT ACGCACAACA TTATCTGATA TATCTTTGCC CACACTTTCG CAAAATGTAT	6780
	CATCGAATGC GAAAGATTGC ATAGGTTCTA ATCCAGAAGA ATGATCGATA TATCGCCAGT	6840
20	TGACGCCATT AAAATATTTA CTCGCTAAAT CCATCGTTAT TGTAAGGCTT GCGCTGCTGT	6900
	AATAATTGAA AGATTGTATA CATCTTCAAT TGAGCAGCCA CGTGATAAGT CATTTACTGG	6960
25	AGAATTTAAA CCTTGTAATA CTGGACCAAC TGCATCATAT CCACCTAAAC GTTGTGCAAT	7020
	TTTGTAACCA ATATTACCAG CTTCTAAACT TGGGAATACA AAGACATTTG CATCACCTTG	7080
	TAATTTAGCA CCTGGCGCTT TTTTCTCAGC AACACCTGGT ACAATCGCAG CATCAAATTG	7140
30	GAATTCGCCA TCAATGATTG CTTCTAATTT TtCTTCTTCA GCTTTTTtGTT GTGCTAATTT	7200
	GACAGCTTCT TGAACTTTTG TCACGTCGTC TGATTTAGCA GACCCTTTTG TTGAAAAGCT	7260
	TAACATTGCA ACTTTTGGAT CCATGCCAAA GCTTAATGCT GATTTTGCAC TTTCTACTGC	7320
35	AATTTCTGCA AGTCCTTGTG AATCAAGTTC TGGATTGATT GCACAATCAC CAAAGATGTA	7380
	TTGTTTATCA CCTTTAATCA TAAAGAAGAT ACCTGATGTT CTTGATACAC CTGGTTTCGT	7440
	TTTGATGATT TGTAAGCTG GACGCACAGT GTCGCCTGTT GAATGTGCTG CACCACTAAC	7500
40	TAAACCATCT GCTTTACCAG CATAACAAG CATTGTACCG AAGTAGTTCA CATTGTTTAA	7560
	TAATTCTTGT GCTTGTTCTT CAGTCGCTTT ACCTTTACGT CGTTCAACAA ATGATTGAAC	7620
	TAATTCAGCT TTCAATTCAC TTGTCGCAGG ATTAATTAAT TCAATATTAG AAATATCAAG	7680
45	ATCAAGTTTT TGGCTAAAG ATTGAACCTT AGTCTCATCA CCTAACACGA TTGGTGTAAC	7740
	ATAATCTGTT GCTTGTAATT GTGTTGCAGC TGTTAGAACA CGTTCGTCCT CTCCTTCAGG	7800
50	TAATACGATT TTAACGTTTT TACCAGAAAG TTTGTCTTTT AATACATTTA ATAAATCAGC	7860
	CATAATGTCC TCCTGTAATA TAAATCTTAT TAATCATTCA CGGTATAATT ATACGCCATT	7920

55

	TATGATAAAA TTTATAAAGA ACTGATGATT TTTGAAAAGG AGCGATAAAC ATGAGTCAAG	8040
	CAGCCGAAAC ATTAGATGGT TGGTATAGTC TACATTTATT TTATGCAGTT GATTGGGCAT	8100
5	CATTACGTAT AGTTCCAAAG GACGAACGCG ATGCACTTGT CACTGAATTT CAATCATTTT	8160
	TAGAAAATAC AGCAACTGTA AGATCATCAA AATCTGGTGA TCAAGCTATT TATAATATAA	8220
	CTGGTCAAAA AGCAGATTTG TTATTATGGT TCTTACGTCC TGAAATGAAG TCTTTAAATC	8280
10	ATATTGAAAA TGAATTTAAC AAATTGCGCA TTGCTGACTT CCTAATCCCT ACATATTCAT	8340
	ATGTATCAGT CATTGAATTG AGCAATTATT TAGCTGGTAA ATCTGATGAA GATCCTTATG	8400
	AGAACCCTCA TATCAAAGCA AGATTATACC CAGAATTACC ACATTCTGAT TATATTTGTT	8460
15	TCTATCCAAT GAACAAACGT CGTAATGAAA CTTATAACTG GTACATGTTA ACTATGGAAG	8520
	AACGCCAAAA ATTAATGTAT GACCATGGTA TGATTGGTAG AAAATATGCT GGCAAAATCA	8580
20	AACAATTTAT TACTGGTTCT GTAGGGTTTG ATGATTTCGA ATGGGGCGTA ACATTGTTCT	8640
	CAGATGACGT ATTACAATTC AAAAAAATTG TATACGAAAT GCGCTTTGAT GAAACAACAG	8700
	CACGATACGG TGAATTCGGT AGTTTCTTTG TAGGACATAT TATTAACACA AACGAATTCG	8760
25	ATCAATTCTT TGCGATTTCT TAATACATTG GTACGTTTAT AAATTAATAA AAAAATTCCA	8820
	AGCTTATCGG TTTAAGCTTG GAATTTTTCG TTTATCTTCA GTATATCCC GTATACATAA	8880
	GACGTGATTT GGTAATAGT TGAAATCTGT ATGTTTAAAC TTATATATAT GTGCTAATGT	8940
30	ATTATCAATA ACAAAGtACA CTTTGCTCAT AGCAAgTsac CCGAgTAGTC TTCCTTGGGA	9000
	GAACTTTAAC TACTATCACT ACATATAAAC GTTAACCTCA ATAGAAATTA TACAGTCGCT	9060
	ACTCTATACA ATTTTTGTAA TGGTTAACTA ATATTATTTT AACCTATTTG AAATATTTGA	9120
35	AACATATTTT TGTCGAATTT TTTTCAATAA TTTTTCCTTT TTATACTTCA AGAGAATTTT	9180
	AACTACTAAA AATTCCGATG ATTATTATTA CAATAGTATC AAATATTAGT TTTTAAAAT	9240
	CAATAACAAC TTATCAAAAA GTCATGTGG TTATTTTATA GTGTATAAAC TATAATGAGT	9300
40	ATTAAATTCT TATAACAAT GGTGATGAAA TGGACATAAA TTCAGAAGAA TACAAACAAG	9360
	AGGTACTTAT CAAAGACGTT GTCATGCTTG CTGCTCGCAT ACTATTAGAA TCTGGTGCAG	9420
45	AAGGTACGCG TGTAGAAGAT ACCATGACAC GTATTGCAAA AAAACTTGGT TACAGTGAAA	9480
	GTAACAGCTT TGTTACAAAC ACTGTCATCC AGTTTACGTT ACATTCGGAA TCGTTTCCTA	9540
	GAATATTTAG AATTACCTCT CGAGATACAA ACTTAATAAA AATTTCTCAA GCTAATAAAA	9600
50	TTTCGCGTCA AATTACAAAC AATGAAATTT CTTAGCCGA AGCAAAAACG CAACTTGAAA	9660
	AAATATATGT TGCTAAGCGT GACAGCAGTC TTCCCTTTAA AGGTTTTGCT GCAGCAATGA	9720

55

TAGCAGGTAG TCTAGGATAC CTAGTCACTG AGATTTTAGA TCGTAAGTWA CACGCACAGT 9840  
 TTATCCCAGA ATTCaTTGGT TCaTTAGTTA tTGGGATTAT CGCCGTTATT GGACATACAC 9900  
 5 TTATTCCAAC AGGTGACTTG GCAACTATTA TCATTGCGGC AGTCATGCCT ATTGTTCCCTG 9960  
 GTGTATTAAT AACAAACGCA ATACAAGATT TATTTGGTGG ACACATGTTG ATGTTCACAA 10020  
 CGAAATCATT AGAAGCATTG GTTThGCGTT TGGCATCGGT GCTGGCGTTG GTAGCGTATT 10080  
 10 AATTTTAGTA TAGGAGTATC AGACTATGTT TTGGATCTTA AACTTTATCT TTAGCTTTTT 10140  
 AGCTTC 10146

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 244:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2022 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 244:

25 ATTIAATTGG TTGGTGGCGT ATTCTCnTTT CCAAGATTG CCACGATTGG ATGTTCAAGTC 60  
 GACAAATATG TAACCAAGTCC CGATAAATTA CGTTCCTCAA TCATTGATAG TATGTCTGGT 120  
 GTTTGTAACG ATTTATCGAG TAAGGCATCA AGCAATTGAT AATGTCCCAA TACAACAAAA 180  
 30 TGCACGTTGT CTCTCAACTG CTGTTGAATA AACTGAATAA AGAGCTTTAA GCTCTGTTGC 240  
 ACATTCGCTA ATGATGGTGC ATAGTTTTCC AAACCAACTT GTACAGCCGC TTCATTATTC 300  
 CGAATGATTA AACCTGTGTA TGCCACTTTT GTTGCTGCAG TTGGATACAT TGAGTAATAA 360  
 35 CGCAATAATT GATCTGTAAA ATCATTTCGA AGTGCATAAA TTTGATGCTC ATGTTGCCAA 420  
 AAATTCGCT CACCCATCTG CTgCAAATCC TCATGGTTCA ATTGTTTCCA GTCCAACTTT 480  
 TCAACACAC TAAATCAAC TAACTCATAA TCCGCTTTAT TAAATATTT TAAAATGCT 540  
 40 GTTTCCGATT CTTTAAACGC AATTAATTGT TCTGnATTAT TCACTCGACC ACCCTTTACT 600  
 TTCAATACTG TATTTAAAAT CACTTGGTAT TTTCGTTGTT TGCTTTACTT CTCTACCACG 660  
 CTAAAGTGTA ATATGATTAA TAACTTATCA TTTTtagCAA TACATTACAA CCTTTTTCAG 720  
 45 AAAATTCGGT GTATTGATTT TAAATTTTT TAAATAnAA AAGGCAAGAC ATTTGTGCCT 780  
 ATAAAAATGC TTAACCAAGA TTTTATATT GaAGTTGTAC TTCTTGcACA TATTGTCCTT 840  
 50 GCCTTATTAT GTAAAGTTAT TTTCTTtCTA TCTTTTTATT AAATTTAACT ATTCTTCATA 900  
 ATCCCGATTC CCTTTAAAGT AACGTCTATC TTGTTTACTA TATACATTTT CAGGATTAAA 960

TTGGTAAACG TTCGTTGCTG ATATATCTGT AAAATTGTTT GGACCGACAC CTGCAATAAA 1080  
 CTTAAACTCT GCTTCATCTA CCAAATAATC ATACGCTTGT GTATGTCTAT CCTGTGCGCC 1140  
 5 ATGTGGAAAT ACAAACATAT CTGTTTTACC TACAATTGGT TCAACTTCAT CTTTCCATCT 1200  
 TTTAGTATCA CGTTTAATAC CTTCTAAAGA TGTTTTTTCA AAATTAATGT GACCATATGA 1260  
 ATGACTCGCA AATGACCATC CATCCCGTTT CATTGCGCGA ACAACTTCCT CAGCTGCCTT 1320  
 10 TTTATTCTTT GTATAATCTT TACTCGTTAA TTCATTCGTG CGATAACCTA ATACGCCCTC 1380  
 ATAACCGGTT AAAGCAACAA CACCTTTTTT ACCATTTAAA GAAAAATCTG GATGCTCTTT 1440  
 TACAAATTTA TTTAAAATTG GCACGATATC ATTGTCATCA GAATAAGTAG CATGGCCTTT 1500  
 15 TTTGTCTGTA GTTTCAGAAA CAACATGTTT ATTTTTATCG AGTACTAAAC GGTCAGCATA 1560  
 ACCATGGTGT CTCATGTAAC TATAGTAATT CATATCATCA ATTGAGATGA TTAGTGGCTT 1620  
 TTTACCTTTC GGCAATTTTA TTTTTTGGC TTTTACATGA TGAGATGATA AGTCGTATAC 1680  
 ATCATGTGGA TTAACGATGA TGTAATTATT TTTATATAAT TCGTTCAATG ATTTTTTAAA 1740  
 TTCACTTACA GTAATCATCC AATCATTGTT GCCCTTAGCT TGGTGTGTAT CTCCTGTAAA 1800  
 25 CGCAACTTTT GGGTCTGTAA TTAATGGGTG ATAAACACA TGATAAACTT GGCCGTGATA 1860  
 TGTTTCCCAA TGTTTCATCCA TTTTcGATT aTGCTTTGCA TACTCATTTG GATTAAACAGA 1920  
 TTTATTkTGA GCTTTCTCAT TTTGCTTGGA ACAGCTATAT mACAATGCAA CTGATAATAA 1980  
 30 CAGAAAAAAT AGCAATAAAT ATTTTTTATG CATTAAACAT TC 2022

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 245:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

35 (A) LENGTH: 1340 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

40

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 245:

ATAGAGTGAT AAAGGATGGT TGTCATATGA TAAATGCAGT AGTAATAGCA GTAATTTTAA 60  
 45 TGATTGTGCT ATGTTTATGT CGATTAAACG TnTTATTAAG CTTATTTATC AGTGCGCTAG 120  
 TTGGTGGCTT AATTCAGGC ATGAGCATTG AAAAAGTTAT AAATGTATTT GGGAAAAATA 180  
 TAGTCGATGG TGCTGAGGTA GCATTAAGCT ATGCTTTATT AGGTGGATTT GCAGCATTAA 240  
 50 TTTCATACAG TGGTATCACA GACTATTTAG TAGGAAAAAT TATAAATGCA ATTCACGCTG 300  
 AAAATAGTCG ATGGTCAAGA GTTAAAGTCA AAGTGACAAT AATCATTGCA TTATTAGCTA 360

55



CACCATTGTT AAGTCTGTTT AATGACTTAA AAATAGATAG ACGTTTAATC GGTTTGATTA 480  
 TCGGTTTTGG TTTATGTTTC CCGTATGTGT TATTACCATA TGGATTCGGT CAAATTTTCC 540  
 5 AGCAAATTAT TCAAAGTGGC TTTGCAAAGG CAAATCACCC AATTGAGTTT AATATGATTT 600  
 GGAAAGCAAT GCTTATTCCT TCAATGGGGT ATATTGTTGG CTTACTTATC GGTTTATATG 660  
 TATATCGTAA ACCACGTGAA TATGAAACAC GTAAAATTTT AGATAGTGAC AATGTTACAG 720  
 10 AGTTAAAACC ATATATCTTA ATAGTAACAA TTGTAGCAAT ACTAGCTACA TTTTATAGTAC 780  
 AAACATTTAC AGATTCAATG ATTTTGGTG CACTGGCAGG GGTACTCGTA TTCTTTATTT 840  
 CACGTGCATA TAATTGGTAT GAATTAGATG CTAAGTTTGT TGAAGGTATT AAAATTATGG 900  
 15 CTTATATTGG TGTAGTTATT TTAACAGCAA ATGGATTGTC TGGTGTAATG AATGCTACTG 960  
 GTGATATAGA TGAATTAGTT AAAACTTTAA CAAGTATTAC TGGTGATAAT AAATTATTTA 1020  
 GCATTATCAT GATGTATGTG ATAGGTTTAA TTGTCACTTT AGGTATTGGA TCATCATTTG 1080  
 20 CAACAATTCC TATTATCGCA TCATTATTCA TTCCTTTTGG AGCGTCAATT GGACTAGATA 1140  
 CAATGGCATT AATCGCATTG ATTGGAACAG CGAGTGCATT AGGTGACTCA GGTTCGCCTG 1200  
 25 CAAGTGATTC AACATTAGGA CCAACTGCGG GATTAAATGT TGATGGCCAm CATGATCATA 1260  
 TACGTGATAC ATGTGTACCA AACTTCTTGT TTTATAATAT TCCTTTAAAT GATTTTCGGT 1320  
 ACTATTGCTG CTATGGTACT 1340

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 246:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3365 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 246:

CAAAATCTAA GAGAATAAaA TTTGTTAATT TnAAATAGCA AGCAATTCAA AGTTATATGT 60  
 GTAATAGATA AAATAGATAT CCCTATAGTG ATGCGTTACT AGCTAAACAT AATAACACAT 120  
 TAGAAGATAA TGAAGTTAAG GAGTTACTGG ATTGTTTCGA CTATGTAATT AAGTATAAAA 180  
 45 ATATCCAACG ACAAAACGTA ATTATAAAAT GGTAAAAGCT ATGGTACAGT TTCAAATTGC 240  
 TAATGACATG CGTATCGGTG AGCTACTTGC AATAAAGAGA GTAAATATAA ACTATGAAGA 300  
 TAAAACGCTA GATATCGACG GTAAAGTTAA TTGGATAACT GAAAAAGAC GGGAGCATTG 360  
 50 GGAGTAAAGG AGACAACTGA AAGAAGTAAT AGCTATAAGG CCACAGGGCT CACTACCCAA 420

	TATTCACAAA TACGTCTGGT AGCCCTATCG ACTCGAACAA AATTAGCCAC ATTATTAAAG	540
	GGGGGCGCTG ATATTAGTTC TATTAAGAAA CCTATAACGA CGCATACATT ACATCATTTCG	600
5	CATATATCTA CACTTGCTCA ATTAGGAATT AACTTAAAAG CAATGCAAGA GCATGTAGGT	660
	CATTCAGATT ATAAAArAAA TCTAGAGATA TACACACATG TTACTAATCA GATGGCGAAA	720
	GATATGATGA ATAAATTTGA ACGATTGGGG AGTTAAAATT GGAAAAAGAT GaTACACTAG	780
10	CAGAAATTAA GCCTATGCTC AATTTTGATG AGCAAATAGC AAAATTAAAA CAGATGAATA	840
	TATTTTTTAA TATTATTGAC ACCGAAAAAG CAAATGAAAT TCTTAGAAAA AATAATTACT	900
	TCTTCAAACT wGcTTATTTT CGaAAAAATT TCGrAAAAAA GaATGGCGGC TATTTTCATAG	960
15	AATTTGCTTA TTTATCAGAT TTAGCAACTA TAGATATGaA ATTAAGATAC ACAATGTTGC	1020
	ATTTAACTTT AGATATTGAA CATAGTTTAA AGTATCTAGT CTTAAACTA ATAACAGAAA	1080
20	ATAACCAAGA AGATGGTTAT AAAATAATAG ATGAGTTCTT ATGTATTGaT AAATCATATA	1140
	GCAATTCAAA TTTTGACACA AATTCAAGAA CACCAGAAGA AGTTATGGAA ACCAAAATCA	1200
	AAAATAAAAA CGAAATATTC AAGCATATGA ATAAACGAGG ACAACTACCC GAGAAGTTGa	1260
25	ATAAATACTA TcmAAATCCA CCCGcnnGGk TTTGCaTTGr ATTCATGCAA CTAGGTCAAT	1320
	TCGTTTCGTT TCTCAACTTC TATTACAAGA AGTACAATGA CGAAGAATTG AGAGTTGCTA	1380
	ATATTTTAAT GCCTTTAGTT AAAAATATAA GAAaCAAATC AGCTCATAAC CAACCCATCA	1440
30	TAGCAAATCT AAATTATGAC AGTAGATTAC CTCAATATTT ATTTGAAAAA GGGAATAATA	1500
	TAGGCATATC TAGAAACATG TTCGGAATAA AAAATTTTCAT AGATACTkTC kSTACGCTAG	1560
	AATTACATAA TCAAGTTTGT AGTAATGCAA TTATCCAAGC AAGATATCAC GATTTGGACC	1620
35	AACTTCAAAA GCGATATAAA AGrAACGrAA GCTATTATAA TAATGCATTA GCTATCAAAA	1680
	GATTTTTTAT AGCTTTAGAT AAAATTATTG ACTTCAACAG ACCAAAAGTA TAACTATCT	1740
	AGTGAGGAAA GAGACTTATA GGTCTCGCGA GTTATTTTAA TTCGTATGCA AGAAAAAGAA	1800
40	GAGCTATGCA TTTTATTTAA AATGCGTAGT TCTTtTTTAA TGCATCTAAA TTCATATTAT	1860
	TTTTGCAATA TAAACATATC TTTGTGCAAA TTCCGAACAC AAAACATTCA CATCATCCTT	1920
45	TTTtGCCCTT TTTCTATACC CCAAACACA AAAAGCCCCG TAAGCCTATG CcTACGGGgT	1980
	TTGACAATAA ATTATATATT ATTGTTCTTC TTTAACATAT GGTAATAATG CCATATGACG	2040
	AGAACGTTTG ATAGCTGTAG TCAaCATACG TTGATATTTA GCTGAAGTAC CAGTTACACG	2100
50	ACGTGGTAAA ATTTTACCGC GTTCTGAGAT AAAACGTTTT AATAATTCAG TGTCTTTGTA	2160
	GTCGATATGT GTAATACCAT TTGCTGTGAA ATAGCATACT TTTTACGAC GACGTCCGCC	2220

55

CGTTAATTTT TATTAGAATG GTAAGTCATC ATCACTTATA TCAATCGGTC CGTTTGCATT 2340  
 TGCAAATGGA TTATCAGATT GTTTCGTGTT TGATGAATTA TTGTACGAAT TGTTTTGTCC 2400  
 5 TGATTGTTGA CCACCGAATC CTTGACCGTA ATCTTGGAAT TCATTTTGTT GACGTTGGCC 2460  
 ACCATTTTGT TCGCATTTT TAGGTTCAAG GAATTGAACG CTATCACACA CAACTTCAGT 2520  
 AACAAACACA CGACGACCTT CTTGATTTTC ATAATTACGG GATTGTAAGC GACCATCTAC 2580  
 10 ACCAGCTAAA CTACCTTTAG ATAAATAGTT ATTTACATTA TCTGCTTGTC TTCTAAAAAC 2640  
 AACACAGTTA ATAAAATctG ctTCGCGCTC CCCTTGAGCA TTCGTGAACG TACGATTTAC 2700  
 TGCAAGAGTG AATGtCGCTA CACTCACACC TGAGGGAGTG GTTCTGTATT CCGGATCTTT 2760  
 15 CGTTAAACGA CCTACTAATA CAACTCTATT TAGCATTTAA ACGCCCCCTC TAATTATTAC 2820  
 TTGTCTTCGT CTTACGAAT AACCATGTAA CGAATGATAT CGTCACTGAT TTTAGCTAGA 2880  
 CGTTGGAATT CGTCAGTAGC TTTGTTGTTA TCAGATTTAA CACGTACGAT GTTGTAGAAG 2940  
 20 CCATCTTTGA AATCATTGAT TTCATAAGCT AGGCGACGTT TACCCCAGTC TTTTGCTTCT 3000  
 AAAACTTCTG CACCTTCAGT AGCTAAGATA CCGTTGAAAC GTTCAACTAA CGCTTTTTTA 3060  
 25 GCATCTTCCT CAATGTTTGG GCGTACGATG TACATAACTT CATATGTTCT CATTTTATAT 3120  
 TTGCACCTCC TTGTGGTCTA TACGGCTTAT CAATCTTAAA ACAGATAAGC AAGGaATAAT 3180  
 TTTCACTACT CACAATAAAG AATTaTATCA TCGCCATTA CTTTTTACAA TaATAATTca 3240  
 30 AACTACTCTT CATATCATT TTTGATATTAA TTCATTGaa ACTTTCnATG ATATTTTnAA 3300  
 AAATACACTT CACAAAAGCG AACATATGTn CTATAAnAGT TGTGAGGTGG TAAGGAATGA 3360  
 ATTTA 3365

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 247:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1032 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 247:

GTTAAAAGTA ATTGGTGGTA TTGATGATGA TTTTACAGCC AATGTTATGC ATCCAAATCA 60  
 ATATCGAATT CGATATTCGT CTCAGAAACA GGACCTTAAT GAAGATATGA CAGTTTTTGA 120  
 50 TGCAGTATTA AGTTCTGATA CAACAACTTT ACGCATCATC AAGCAATATG AGCAGGCAGT 180  
 ACAAGCTTAT GCGGATGACC AAAGTGATAA ATTGTTCAAG CGAATGATGG ATGCGCAAGA 240

ACTAGGTATA CATGATACTA CTAAATACAT TAAAGAATTA TCCGGCGGAC AACAAAAACG 360  
 TGTGTACTT GCTAAACAT TAATAGAACA ACCAGATTTA TTGTTATTAG ATGAACCTAC 420  
 5 GAACCATTTA GACTTCGAAT CAATCAGCTG GTTGATCAAT TATGTGAAGC AATATCCTCA 480  
 TACTGTTTTA TTCGTAACCC ATGATCGATA TTTTTTAAAT GAAGTTTCCA CTAGAATTAT 540  
 TGAACTAAAC AGAGGTAAGT TAGCGTCATA TCCTGGTAAC TATGAATCTT ATATTGAAAT 600  
 10 GCGCGCTGAA AGAGAAGTAA CACTTCAAAA GCAACAACAA AAGCAACGAG CTTTATATAA 660  
 GGAAGAACTT GCTTGGATGA GGGCTGGGAG CTAAAGGCTCG TACTACAAAG CAACAAGCTA 720  
 GAATTAATCG ATTTAATGAC CTAGAAATG AAGTTaACCA GCAATATAAA GACGATAAAG 780  
 15 GTGAATTGAA TCTTGCTTAT TCaAGATTAG GTAAGCAAGT GTTCGAATTA GAAGACTTAT 840  
 CAAAGGCTAT TAATGATAAA GTATTATTTG AACATCTGAC GGAAATTATT CAAAAmGGTG 900  
 20 AGCGTATTGG TGTGTGTTGGG CCAAATGGAG CTGGTAAAC AACACTCTTA AATATTTTGA 960  
 GTGGAGAAGA CCAACAATTC GAAGGTAAAT TGAAGACTGG GCAGACGGTT AAAGTAGCTT 1020  
 ATTTTAAGCA AA 1032

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 248:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 852 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 248:

35 TGTGATTAAC GAAGCTTATT TTCGTACACC TTCAACAACT GATTACAACG GCGTTTATCA 60  
 AGGTfATTAT ATTGATTTTG AAGCAAAGGA AACTAAAAAC AAGACGTCCT TTCCTTTAAA 120  
 TAATATTCAT GACCATCAAG TCGAACATAT GAAAAATGCA TATCAACAAA AAGGTATTGT 180  
 40 GTTTTTAATG ATTCGTTTTA AAACGCTAGA TGAAGTTTAT CTTTACCCT ATTCAAAATT 240  
 CGAAGTATTT TGGAAGAGAT ATAAAGATAA TATTA AAAAG TCTATAACAG TTGATGAAAT 300  
 ACGAAAAAAT GGTTACCATA TTCCTTATCA GTATCAACCA AGATTAGACT ATCTAAAAGC 360  
 45 AGTTGATAAG TTGATATTAG ATGAAAGTGA GGACCGCGTA TGACGGAAAA CAAAGGATCT 420  
 TCTCAGCCTA AGAAAAACGG TAATAATGGT GGGAAATCCA ACTCAAAAAA GAATAGAAAT 480  
 50 GTGAAGAGAA CGATTATTAA GATTATTGGC TTCATGATTA TTGCATTTTT CGTTGTTCTT 540  
 TTACTAGGTA TCTTATTGTT TGCTTATTAT GCTTGAAAG CACCTGCTTT TACCGAAGCT 600

TTAGATAATG GCCAAAGACA TGAGCATGTA AATTTAAAAG ACGTGCCGAA ATCAATGAAA 720  
 GACGCAGTAC TTGCAACTGA AGACAATCGT TTCTACGAAC ATGGCGCACT TGATTATAAA 780  
 5 CGTTTATTTCG GTGCAATTGG TAAGAACTTG ACTGGTGGAT TTGGkTctGA AGGtGCCTCA 840  
 ACATTAAACAC AA 852

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 249:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5804 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 249:

20 CACTTTTTTC ATTAAAAATC TCATATTTAT ACACTGAACG TAATCTCGAA TATTTTTTCAA 60  
 CCCAAGTTTT AACTTTAACT TTTTCTGGAT AAAAAATAGA CTTTTTATAA TTGACATTGA 120  
 GGTCAGTCAC AGGTGAAATG ATTCCCTTGTT TTTCCATATC AGCATAACTA AAACCTAACT 180  
 25 TCGATATATA ATCCAACCGC GCAACTTCAA ACCAAGTTGC ATAATCCCG TGATAAATTA 240  
 CACCCATCTT ATCAGTTTCA GCATAACGCG CTTCTATTTT TGTAATACTA TATATCATTT 300  
 TAAGCCTTCT TTCAGTTTAA CTTTATATCT CATTCTAACA TAAAATACAA GAAGAGGCCG 360  
 30 GCCAAGAACA CAAAGGkTTT GAACCGACCT ATTATATCAT AAaGTTTATA GAAGTATTTT 420  
 TGAGCACTAT CAAAGTGCCT CAAATACCGA TTAAaATTTT ACTGTGATAT CTATTTTTTTA 480  
 TTGCGCTAAT TTATTTCTTA AAACCATTTG TAAaATTCCA CCGTGACGAT AGTAATCCAT 540  
 35 TTCAACAAGT GAGTCAAAAC GAACCATAGC GTCAAATTCT ACCAAATCAC CATCTTGCTT 600  
 CTTAGCAGTA ACTTTGACGT AGtCATGTGG TTGAACATTT TCATCAATAT TAACAGrAAT 660  
 TTCTTCTGTA CCATCTAGAC CAAGAGAATC AGCTGATTCA CCTTTTTTAA ACTCTAATGG 720  
 40 TAATACACCC ATCATAACTA AATTTGAACG ATGGATACGT TCATAACTTT GTGCAATAAC 780  
 TGTTTTAACA CCTAATAAGT TTGTACCTTT TGCTGCCCAG TCACGAGATG AACCCTAACC 840  
 ATAATCGTTA CCAGCTAATA CAACTAAACC TGTACCATCT TCTTTATATT TCATTGCAGC 900  
 45 ATCAAAGATA GGCATTACTT CATTTGTTGG CCAATAAGTT GTAAAACCAC CTTCAGTACC 960  
 TGGCGCTAAT TGGTTTTTAA TACGTATATT AGCAAACGTA CCTCGAACCA TTACTTCGTG 1020  
 50 ATTACCACGT CTTGAACCAT ATGAATTAAA TTCACGAATA GGCACCTGAT GATCTTGTA 1080  
 ATATTTACCA GCTGGCGTAT CTTTACCAAT TGCACCTGCT GGAGAGATGT GGTGAGTTGT 1140



	TTCTTTAGAT AATCCTTGGA AGAATGATGG ATTTTGAATG TATGTTGAAT TAGGATCAAA	1260
	GTCATATAGA GGTGATCAG TTACATCAAT CTCATTCCAT AATTCGTTGT TATTGTATAC	1320
5	GTTATTATAT TCTTCAATAA ATAATTCAGG TGTTACAACA CTATCAACGG TATCTGAAAC	1380
	TTCTTTAATT GATGGCCAAA TATCTTTCAA ATATACATCT TCACCGTCAT TACCTTTACC	1440
	AATAGGTTCA TTTTGTAAT CAATATCAAC CGTTCCAGCT AATGCATAAG CAACAATAA	1500
10	CTGTGGTGAA GCTAGGTAAT TGGCTTTAAC AAGAGGATGG ATACGACCTT CAAAGTTACG	1560
	GTTACCAGAT AATACAGATG TCACTAATAG GTCCTCATCA GCAATCGCTT TTTCAATTTC	1620
	TGGTAATAAA GGACCTGAAT TACCGATACA AGTTGTACAT CCATAACCAA CCAAGTTGAA	1680
15	GCCTAAATCA TCTAAATAAG GTTGTAAGCC AGCATCTCTT AAATATCCGG TAACAACCTT	1740
	TGATCCTGGT GCTAGAGAAG TTTTAACGTA TTCAGGAACT TTCAAGCCTT TTTCAACTGC	1800
20	TTTTTTAGCA ACTAAACCTG CACCTAACAT TACATAAGGG TTAGATGTAT TTGTACATGA	1860
	TGTAATTGCT GCTATTGCAA TATCACCTGT TTTCATTGTA GCTTTTGATC CATCTTTAAA	1920
	GTTAATTTCA GCTTTCTTAT CAAATTCAT TTTATCTAAA CCGTGTCTT GGTGCTGCTGC	1980
25	TGGAGCTGTT ACAGAATTTT CAAATGATGA TTTCATATCA CTTAAGAAAA TTAAATCTTG	2040
	AGGACGTTTT GGTCTGAAA GCGATGCTTC AACTGTTGAT AAATCCAATT CGATAACATC	2100
	TGTATAATTA GGATCTTCTT TCTCAACATC AAAGAACATA TGGTTTTGTT TCAAATATTC	2160
30	TTTTACTAGC GCGATATGTT CGTCIGATCT ACCAGTTAAC TTCATATATT TAAGAGATTC	2220
	ATCATCAACT GGAAGAATC CGCAAGTTGC TCCATACTCT GGTGCCATGT TTGCAATTGT	2280
	AGCACGGTCT GCTAGTGGTA AATGTTGTAC ACCTGGACCA AAGAACTCCA CAAATTTACC	2340
35	AACAACACCT TTTTACGTA GCTCTTGAGT TACTCTTAAC GCTAAATCAG TTGCTGTTGC	2400
	GCCTTGTTGGT AATGAATTTA CTAGTCGTAC ACCAATAACC TCTGGAATTG GGAAATAAGA	2460
	AGGTTGTCCA AGCATTCCAG CTTGAGCTTC AATACCACCA ACACCCCATC CTAGTACGCC	2520
40	AATACCATTT ATCATTGTTG TATGTGAATC AGTACCAACT AATGTATCTG GAAATGCAGT	2580
	TTTTTCACCA TCTACATCAC GAACATGTAC AACACTTGCT AAATATTCTA AGTTAACTTG	2640
45	GTGAACTATT CCAGTTGCAG GAGGAACTGC ATTGTAATTA TCAAATGCTT TCGTTGCCCA	2700
	ATTTAAAAAC TGATAACGTT CATAGTTACG TTCAAATTCT AATTTTCATAT TACGTTCAAG	2760
	AGCTTCTGGA TTTGCATAGC TATCCACTTG AACTGAGTGG TCAATAACTA AATCCACCGG	2820
50	TACTTCTGGA TTAATTTTAG TAATATCTCC CCCAACGTCA TCCATTGCTT TACGTAAAGA	2880
	AGCTAAATCA ACTACGGCTG GTACACCTGT GAAATCTTGT AAAATAACAC GAGAAGGTTT	2940

55

	GTCTGTAATT ACAAATCAT CTTCTTGACG AAGTAAAGAT TCTAACAAAA CACGAATTGA	3060
	ATAAGGTAAA TTGGAAACTT TAGTAATACC TTGCTCTTCT ACAGCTTTTA AATCATAGTA	3120
5	AGTATAACTT TGGCCATTCA AGTCAAAATG TTTTMTTGAT TGCTCTTTAA AATTTGCAGC	3180
	CATTTAATGA TCCCCCTTGA TACATTTTAA TATTTATATG CCTTGATTAA ATTGTATTAT	3240
	TATATTTATT GATAACAAC TCATCATGCT TAGAAAACGC TTAATTTAGG TTTTGACTTT	3300
10	TTAATCAGAG TATATAAGCA AAACCTTATCA TACAGGTAAG GTGTAATAAG TATTTTTTAT	3360
	TAATTGAGAA TAATTATCAA TTTTCGCGAAT GATTCAATTC AATTTTAA CGTATTATTT	3420
	CATTGAGCAG AAAGAAAATT ATGGCACCAA ACTTTAATAT TTTTTCAT GTCATTCTTT	3480
15	TGATGGGAGT GGGACAGAAA TGATATTTTC GCAAAATTTA TTTTCGTCGTC CCACCCCAAC	3540
	TTGCATTGTC TGTAGAAATT GGAATCCAA TTTCTCTTTG TTGGGGCCCA TCCCCAACTT	3600
20	GCACATTATT GTAAGCTGAC TTTTCGTCAG CTTCTGTGTT GGGGCCCTCA CCCCAACTCG	3660
	CATTGCCTGT AGAATTTCTT TTCGAAATTC TCTGTGTTGG GGCCCCTGAC TAGAATTGAA	3720
	AAAAGCTTGT TACAAGCGCA TTTTCGTTCA GTCAACTACT GCCAATATAA CTTCGTAGAG	3780
25	CATAGAATAT TGATTTATGT CCCAGCCTGA GTTAATTTTC TATAAAAGTA TATTTAATTT	3840
	GCGTTTATAC CGTCAAACCT CACTTTAGCT TTGTCAAACC CTTTCTATT AAGTTTTCAG	3900
	AAATAAACCT ATCTTAAAT ATAAAAAAT CGAGAATTCG TAGTTTAATA ACGAAATTCT	3960
30	CGTTCTTATC CTTTGAATA TACTCAATTT TCCACAAAA CAAACAAGTA GTATATCTGT	4020
	TCTAGCTACT AGAATGACAT ACTACTTGTT ATTAAAATAC TTAATAAAC TTTATTAGTT	4080
	ATCTTTTTTC TCTATATTC TACGTGACTG ACGCTTTTCA AGAATGTCAG ATTCATAATC	4140
35	TTCTTGTTGA CTCTTGATAT ATTCTTGTA GCGATGTTTA TTCGGAGTCA ATGTAAACC	4200
	TAGGAATTTA CGTTCCTGGT TCGCATCCTT GTAGAACTT ACCATCATGA GTATGACGAC	4260
	AAAGGAGAAT GGAATGCAC TTATAATTGC AGCACTTTGA ATCGCATTTA AAGCTTCAGC	4320
40	GCCGTTACCG CCACCAGCTA ATAAAAGTAC AAATGCTATT AAGGCCTGTG AAATCCCCA	4380
	AACAACTTTT ACCATACTAG ATGGATTTAA TGAACCAAAT GTTGTTTGCA TTCCTAATAC	4440
45	AAATGTTGCT GAGTCAGCAG ATGTAATAAA GAATGATGCA ATTAATAATA ATGCAATCAA	4500
	CGATAAAACA ATGCCAAATG GCACATGATT AAACACTCCA AATAGCTGTG TTTCAGGAGT	4560
	CATATCAAAA ATTTCTTGT GTTTCTTACC TGTCTCGATG CCTAATACAC CAAAGACACT	4620
50	AAACCAAACA AAATAACAA TTGCTGGAAC TAGCAAGACA CCAGAAATGA ACTCTCTAAT	4680
	TGAACGTCCT TTTGAACTC GTGCAATAAA CACTCCAACG AATGGACTCC AACTTAACCA	4740

55

	TGCTGTATCA AAAC TATTAA ACAAGAATGT GTTTAGTAAA CTACCCGTAG AGCTAGTTAA	4860
	CATATTTAAA ATAAGAACAG TTGGTCCAAC AATTAAAGCA GCTACCATTA AAATAGTACC	4920
5	TAAACCAATG TTCAAGTTAC TTAAGTATTG AATACCTTTA CTTAATCCAG ACCATGCACT	4980
	TGCTATAAAT AAGATAGTAA CAACAATGAT GATAATCGCT TGTACAAACG TATTGTTTGG	5040
	AACATTGAAC AAGTAATGTA AACCACCATT AATTTGTAGA GCACCCATAC CTAACGAAAC	5100
10	GGCTACCCCA ACGATTGTCG CAAATACAGA TAAACGTCA ATAAAAATCC CAATAGGACC	5160
	TTCTACTTTA TCACCTAAAA GAGGACGTAA AGTTCTAGAT AATAAACCTG GTTCACCTTT	5220
	ACGGAATTGC GAATATGCCA ACGTAACGCA ACAACACCAT AAACAGCCCA AGCATGGAAT	5280
15	CCCCAATGGA AAAATGTTGA ACGTAGAGCT TCAGTATAAG CTTCAGTAGT TTTGGGATCT	5340
	GCTGTAGGTG GCGTAGCAAA GTGCGCCATC GGTTCAGCTG CACCATAAAA CACCAAACCT	5400
	ATCCCCATAC CAGCACTAAA CAACATAGCA AACCATGAAA TTGTATTAAA CTCAGGTTTG	5460
20	TCATTTGGTT TACCTAGTTT AAGTTTTCCTA ATAGGACTAA AAATAAGGAA TATACAGAAG	5520
	AACACGATAA TCGTAGTAAG AATAAGATAA TACCAACCTA ACTTTTCTGT AATCCACATT	5580
	TTAATATTAT TGGTAACATA GTTGAATTGT TCAGGTAAAA ATGCACCAAG TAATACGACT	5640
25	ATAGCAACAA CAATTGCACT ATAGATGAAG ACTGGTGAAT ACTTCTTTCC ATTTGGATTG	5700
	TCTGGTGAAG AAGAATTCAT AATTAATTAC TCCCTTCAAT TCTATATTTA ATTTTATGTA	5760
30	GTAGAATAAA AATATTATCT AAACATTTTA TTCAATAACT CACG	5804

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 250:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- |    |                            |
|----|----------------------------|
| 35 | (A) LENGTH: 400 base pairs |
|    | (B) TYPE: nucleic acid     |
|    | (C) STRANDEDNESS: double   |
|    | (D) TOPOLOGY: linear       |

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 250:

	ACCCGCGAAT ATGGTCCATC CTATCGATTT ATTTTAACT GGTTTGACAA TATTTAATTT	60
	TTCATAATCA TTCTTAGTGA TTTTGACATA TGTTTTCGGT ATGAGCCAGT TAATAAATGG	120
45	AAAGAAGAAG ACAATCCAAT TACTTGCCAA ATC <sub>2</sub> ATCATT AAATATTCAC TATCGTATTT	180
	GATTATTCGA TATTTAGGGT TTTTATTAAT AACTTTAGAT TCGCAAAGCA ATGTCTCCAC	240
50	ATCCCTTTAA TTTTATGTGT AATACATTTT TCGATACTTC AAAAGACATT CAAATACTAT	300
	CAAGTTACTG TCATCAAAGG TTTTATTAAC TGATATTCTC ATATTTTTAA TCTGAATTTA	360

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 251:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 964 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 251:

CCAGGGTGCG GAAAGCTTTA AAATTTGGAC TAATAAGAT GCTGATATTA ATTCTATGAA 60  
AACAGCAGTT TTACAACAAT TAAAAGGAGA ATAACATATG CTTACTGGCA AACAAAAAG 120  
ATACTTAAGA AGTTTAGCAC ACAATATTGA TCCGATTTTT CAAATTGGAA AAGGCGGTAT 180  
CAACGAAAAT ATGATTAAAC AAATAGATGA TACGTTAGAA AACAGAGAAT TGATTAAAGT 240  
ACATGTACTA CAAAATAACT TTGATGATAA AAAAGAATTA GCTGAAACAT TAAGCGAAGC 300  
TACTCATAGT GAATTAGTGC AAGTGATTGG ATCTATGATA GTGATTTATA GAGAATCTAA 360  
AGATAATAAA GAAATTGAAT TGCCATAATA ATGAAAAAGA TAACTTTTA CGGCGGTCAG 420  
TTTAACCCTA TCCATACTGC ACATATGATA GTAGCTAGCG AAGTATTTCA TGAATTACAG 480  
CCAGATGAAT TTTATTTTTT ACCTAGTTTT ATGTCTCCAT TGAAAAGCA CCATGATTTT 540  
ATAGACG TTC AGCACAGATT AACAATGATA CAGATGATTA TCGACGAGCT TGGTTTTGGA 600  
GATATTTGTG ACGATGAAAT TAAACGTGGT GGTCAAAGTT ATACCTATGA CACGATCAAG 660  
GCATTCAAGG AGCAACACAA AGACAGTGAG TTGTACTTTG TTATTGGGAC GGATCAGTAT 720  
AACCAACTAG AGAAATGGTA TCAAATTGAA TACTTAAAG AAATGGTTAC TTTTGTAGTT 780  
GTAAATCGAG AAAAAATAG TCAAATGTT GAAATGCTA TGATTGCAAT TCAGATACCT 840  
AGGGTAGATA TAAGTTCCGAC AATGATTCGA CAAAGAGTTA GTGAAGGGAA ATCTATCCAA 900  
GTTCTTGTTT CTAAATCCGT TGAAAACAT ATTAAGGGGG AAGGATTATA TGAACATTGA 960  
AAAA 964

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 252:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1193 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 252:

TTGTCATGAA ATAAATGGGA TGAATATCAC GACTAGAAGT AATGTTACGA ACAGGAGCGT 120  
 ATAACTAGA GACGCTAAAT TCGACATAGT ATGTnGCTCA ATTATGGCTG ATGATGAATT 180  
 5 TAAAGTATGT GCGTTGGAAC TGTCGGATTT TTGTTTCATAA TGTTTTGCAT ATTGCGCCAT 240  
 GATGAATAGT GTAAAAATAA ATAAAACAAT AAGAGATATA ATGCCCATAA TCAAAAGTAT 300  
 TTGTTTAGAG CCTTTCATTA TTTCACATCC TTTCTAAAAT ATATTTGTAA CTAAATTTAA 360  
 10 AATAGTTATT TTTGTAATTC TAAACCTTTT TCATCGCGAA AACAATTAAA TAGGTCGCGG 420  
 TATTAATTAT TATATTATTA CCGCTTAATA TGAAAAATAC ATGAaAATTA ATTTTCTAAT 480  
 ATACTTTTGA AAAATTATTA CAAATTAGCC CCTTCAAAAC GCGAAAACAT AAGGATTCTA 540  
 15 GTTTCAAAAG GGCTGATAAG CATAAAATGA AATGTAATAT TTCGATGTAT AAAATTTTAA 600  
 ATTAGCTAAA AATCATCGCA TTAATTTTTT GAGCTACATC ATCAAAATTC GGACATTTTA 660  
 ACGACACATA TAATTTAATT TTAGGTTTCAG TACCAGAAGG ACGTAAAGCG ATAAATCCTT 720  
 20 CGTCAAATAA GACACGAATA ACATTTGATT TAGGAGAATT AATCTGCGAC GTTGTATCTT 780  
 TATCCAAATG ATAAACCTCG CTAGTTAAAT AATCTTCAAT TGCTTTCAC TTAGAGTCCTT 840  
 25 GAATCTCTTG CCGTGGATTT GAACGGAATT TGGTCATTAT TGCATTAATT TTCTTTTTCC 900  
 CTTCAAATCC TTCTAGCGTA TGCGgAATAA TGTATCCTCA TGTCTACCAA CAGTTTGATA 960  
 AATCTGTICT AATTCATCTT TCAATGTTTT GCCATATAAT TTAACTCAG AAGCGTATTT 1020  
 30 TATAATGAGT GGCACAATTT GTACGGCATC TTTATCACGT ACAAAGGCT CTGATAGAAA 1080  
 ACCGTAAGTC TCTTCAAATG CGAAAATCAT ATTTGATGAT CATCCAGTTG TCTTATTTCC 1140  
 TGAGCAATAA ATTTAAGCCC GTCAGCACCT CTTTGGTATT CAACATTATT ATA 1193

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 253:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1098 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 253:

TATCAGGATG ATTATGnCGG GGTTTTATTA AGTCTGAGCG TATATnCCTT TTATTCTCCT 60  
 AAATGGTTTG GAATTCAAGG AGAAGACGAT GAAATGGTAT CCAAAAACCA AnGAATATAT 120  
 50 nGCATTAAGT CTGAGGATGA TAGTGCGGTG GCAATTCGTT CATTAATTTT GCATAAAGAT 180  
 GAACCTATGT ATTTAAAAA ACGTACATGT GTACCTACTT TGTTAATTAA TGGGGAACAT 240



	AAAAAAATCT TCGAACATTC AGGACATGCA CCGCATATTG AAGAACCAGA AGCATTATG	360
	AATTATTATT TAAAATTTTT AAAAAGCGTA TCATAATATG TGATATATAA ACCTAGGGCA	420
5	TAAAGTCCTT AGGCAATGTG AAAAAGCTGA TTACTATTCA TTATTTGATA GAAATCAGCT	480
	TTTTTTGAAA TGTATTTGAT ATATACTGCT CGTTATGCGG CTATCTTCCT TATATTAAGT	540
	GCCATTAGTG CAAAACCTCT TAACAATTAG GTAAAAAGAG CATAAAAAAA GGAAGTTTAA	600
10	TAGAATGTAT CATCTATCAA ACTTCACCAA ATTGCGCTAA ACAAATTAT AGTTCAATTT	660
	CGTTGTTTGC TTCAGTGATT CGTTTATTTA CTCGACTCAA TAATGATTCTG ATTTTTTTAC	720
	GTTGTTGTGC ATTAACAAGA ATTAATACAG TTCTTTCATC ATGCTCATTG CGTTTTTTAT	780
15	CGAAGTAATC TTCTTGAGAT AAAATTTTAA CTGCTTTAAC AACTTGTTGGT TGTTTGTAGT	840
	TTAAATGATT AATAATATCC TTAAGATAGT ATTCTTTCTC TTTGTTTTTCG CTGATGTATG	900
	TCAATACAGC GAATTCTTCA AAGCTAATTG AATAATTCCTT TTTAATTAAA CTTTTTAATT	960
20	TGTCAGCATA AGTGACCATT GATAACAAC CAAAGCAATC ATTGATTTTT GTAATTGCCA	1020
	TGTTTAAAAC CTCCCTATTT GATGCATCTT GCTCGATACA TTTGCCCCGA TAATATATG	1080
25	TATCTAATCT TTATGAT	1098

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 254:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- |    |                             |
|----|-----------------------------|
| 30 | (A) LENGTH: 2881 base pairs |
|    | (B) TYPE: nucleic acid      |
|    | (C) STRANDEDNESS: double    |
|    | (D) TOPOLOGY: linear        |

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 254:

	CCAGGTAAAA TTGTGCAATC ATTTGACGCA TTAATGGACG CCTTGGACAA TGAAGATTAT	60
	GAAGGAGAAA AAGTCATTCC ATTCTTAGAT AAACATTTTA AATATCAAGA TGGCCGATCA	120
40	AGTGAGCGTT TAGTCAGAAA TTTATTTGGT AGCTAAGTTT ATATAGTAGT CAAAGTGGGA	180
	GAGGTATAAT GATGAAATTT TCAGTAATAG TTCCAACAT CAATTCAGAA AAGTATATAA	240
	CAGAATTACT TAATAGCCTT GCGAAACAAG ATTTTCCGAA AACTGAATTT GAAGTGGTTG	300
45	TAGTTGATGA CTGTTCAACA GATCAAACGT TACAAATAGT TGAAAAGTAT CGCAATAAAT	360
	TGAACCTGAA AGTAAGTCAA CTCGAAACAA ATTCTGGTGG TCCAGGTAAA CCTAGAAATG	420
50	KGGCGTTAAA ACAAGCAGAA GGTGAATTTG TATTATTTGT GGAATCCGAT GACTATATAA	480
	ACAAAGAGAC TTTAAAGGAT GCAGCAGCAT TTATTGATGA ACATCACTCA GATGTCTTAT	540

	CACCTGAAGT TACTTTGTTA AATTCAAGAA TTATCTATAC TTTAAGCCCG ACTAAAATCT	660
	ATAGAACAGC ATTACTAAAA GATAATGACA TTTATTTTCC AGAAGAATTA AAGAGTGCAG	720
5	AAGATCAATT ATTTACAATG AAAGCATATT TAAATGCAAA TCGAATCAGT GTGTTAAGTG	780
	ATAAAGCGTA TTATTATGCT ACAAAGCGTG AAGGTGAACA TATGAGTAGT GCGTATGTTT	840
	CACCTGAAGA CTTTTATGAA GTCATGAGAT TGATTGCTGT AGAAATATTA AATGCAGATT	900
10	TAGAAGAAGC CCATAAAAAT CAAATCTTAG CAGAATTTTT AAATCGTCAT TTTAGTTTTT	960
	CTCGTACGAA TGGCTTCTCA CTTAAAGTTA AACTAGAAGA TCAACCACAA TGGATTAATG	1020
	CTCTAGGAGA CTTTATACAA GCAGTTCCAG AACGTGTAGA TGCATTGGTG ATGAGTAAAT	1080
15	TACGACCATT GTTGCACTAC GCGAGAGCGA AAGATATAGA CAACTATAGA ACTGTGGAAG	1140
	AAAGTTACCG TCAAGGTCAA TACTACCGTT TTGATATTGT AGATGGTAAA TTAAACATTC	1200
20	AATTCAATGA AGGCGAACCA TACTTTAAAG GCATTGATAT CGCTAAGCCA AAAGTGAAAA	1260
	TGACAGCATT TAAATTTGAT AATCATAAAA TTGTTACAGA GCTAACGTTA AATGAATTTA	1320
	TGATTGGCGA AGGACATTAT GATGTCAGAC TTAAATTACA TTCACGAAAC AAGAAGCACA	1380
25	CAATGTATGT ACCTTTAAGT GTCAATGCGA ATAAACAATA TCGTTTTAAC ATTATGTTAG	1440
	AAGATATTAA AGCGTATTTA CCTAAAGAAA AAATTTGGGA TGTTTTCTTA GAAGTCCAAA	1500
	TAGGTACGGA AGTATTTGAA GTGCGTGTG GTAATCAACG TAATAAATAT GCATATACTG	1560
30	CAGAAACAAG TGCATTAATT CATTTGAATA ATGATTTTTA TAGATTAACA CCGTATTTCA	1620
	CAAAAGACTT TAATAACATT TCGTTATACT TTACAGCTAT TACATTAACG GATTCAATCT	1680
	CATTGAAGTT AAAAGGTAAA AACAAAATCA TTTTAACTGG TCTGGATCGT GGTTATGTAT	1740
35	TTGAAGAAGG TATGGCTAGT GTCGTACTAA AAGACGACAT GGTGATGGGA ATGTTAAGCC	1800
	AAACATCAGA AAACGAAGTG CAAATCTTA CTTAGCAAAG ATATTAAAAA GCGAGACTTC	1860
	AAAAATATTG TTAAGTTAAA CACTGCACAT ATCACTTATC CACTAAATAA ATAATAAATG	1920
40	CCCTCAAATC ATTGTGAGCC AACATGATTT GAGGGCTTTA TTTTGCTGTT TATGACATGA	1980
	TTATGACATT TCCCTGATTT TCATTTTCAT ATACATTAAA TTGTATACAC TGGAAATGAG	2040
45	GAGGTTATCT ATAATGATAA ATAAAAATGA CATAGTAGCA GATGTAGTAA CTGATTATCC	2100
	GAAAGCAGCG GATATTTTTA GAAGTGTGGG AATAGATTTT TGTGTGGCG GACAAGTAAG	2160
	TATAGAAGCA GCAGCCTTAG AAAAGAAAAA TGTAGATTTG AACGAATTAT TACAGCGTCT	2220
50	CAACGACGTT GAACAAACGA ATACACCAGG TTCGTAAAT CCTAAATTTT TAAATGTTTC	2280
	ATCACTTATT CAATATATTC AATCAGCATA TCATGAACCT CTAAGAGAAG AATTTAAAAA	2340

	TGAGTTAAAA GAAACATACG ATACATTTAA AAATGGCATG TTAGAGCATA TGCAAAAAGA	2460
	AGACGATGTC GATTTTCCAA AACTCATTAA ATATGAGCAA GGTGAGGTAG TAGACGATAT	2520
5	TAATACTGTG ATAGATGATT TAGTTTCAGA CCACATTGCA ACGGGAGAAT TGTTAGTAAA	2580
	AATGAGCGAA TTAACATCTA GTTATGAACC TCCGATAGAA GCGTGTGGTA CTTGGCGACT	2640
	TGTTTATCAG AGATTAAAAG CACTTGAAGT GTTAACACAT GAACACGTAC ATTTAGAGAA	2700
10	TCACGTATTA TTAAAAAAG TATCATAAAT AACGCGATTA GAAACTGTTG GCAAAAATAA	2760
	GTCCAGCAGT TTTTCGCTAT GTATAAAGT CATAATAGTG ACATAAACAG CATTATTTGA	2820
	AAAGAAaAAT GGTCAACTTA GCATAAAAAT TGATATGAan ATTTAATGGT ATAGATAATT	2880
15	A	2881

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 255:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1056 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 255:

	ACCGTCGAAT ATCGCTTGTG ATTTACAATT TGTGTATTAA GATGCTCAAC TAATTTGGGT	60
30	ACATATTCCG AATTTAGATT TGCAAGTACA ACAATTCCAT AATTTTGTTT TGGATTTAGT	120
	AAAATAAATG ATGAAAAGTT ATCTAGCGTT CCTGAATGAA AACTAAATG TTCATCATT	180
	TTGGTAAACC AGCCGGAAGC ATATGCATTG GCATTAGGTT CACCAATTGT TGAAGATAAA	240
35	TTTTTATGTG ATTGTTGAAC TAATGATTG TATTTATCAG GTGGATTAAAG TTGGAATTTT	300
	ATCCaATGTT CCAATCTTC AGTTGATGTC ATCATATATG CTGATGGTGT ATCCCAAAGG	360
	TTAAATTCAG GTTTAGAGAC GACAGGTGTC GAACCTTGTA ATTCATAGCC AATAGCATCA	420
40	TGTTTTGATT TGTAATTGGT TTGTTTGAAT GATGTATGTG TCATATGCAA AGGCTTGAGC	480
	CATGAATTTG TAATATATTT TGTATAGGAT TGCTTCGTAA CGTTTTGGAT AATTAAACCT	540
45	AATAAATCAT AGTTCATATT TGAGTATTCA AATTCTTCTC CGGGCTTATG ATGTAATTCA	600
	TCACCCATAA TTGCATGGGT TACATCATTT AAACGATTAT TTTTGCTTGT CACAGAATCT	660
	tCGCTTGTA TAtCACTAGG TATACCACTT GTTTGAGCCA AAAGTTGCTT AATCGTAATA	720
50	GTTTCATTTT GACCATTATA GTTCATTTTA AAATGAGGCA CATGTTTGGA TACGGCATCA	780
	TTTAAGTTTA ATCGACCTTC TTGAGCTAAT TTTAAAATTG CAAGACCTGT GAAAGCTTTC	840

TGATAACCAT AACCTTTATT TAAAAAACT TTGCCATTTT TTACTAYTAA AATTGATGCT 960  
 CCAGGAATGT GTCCCTTTTG TAAATCATGC TCGATAATTG TATCTATTTG TTGTTGCGAA 1020  
 5 TCATTGGTTA ACCGTGTCTT CGTATTGCTA TTTAAT 1056

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 256:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1277 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 256:

ATGCCaCACT TATTGGTGGC AGGATCGACG GGTAGTGGTA AATCTGTTTG TATAAATGGT 60  
 ATTATTACAA GTATTTTATT AAATGCTAAG CCGCATGAAG TTAAACTTAT GTTAATCGAT 120  
 CCGAAAATGG TTGAACTAAA TGTTTATAAC GGAATTCCAC ACTTATTAAT TCCGGTTGTT 180  
 ACAATCCTC ATAAAGCTGC TCAAGCTTTA GAAAAAATTG TAGCTGAGAT GGAAAGACGT 240  
 TATGATTTAT TCCAACATTC ATCAACTAGA AACATTAAAG GTTATAACGA ATTAATCCGT 300  
 AAGCAAATC AAGAATTAGA TGAGAAGCAA CCAGAATTAC CTTATATCGT TGTTATTGTA 360  
 GATGAGCTTG CAGATTTAAT GATGGTAGCT GGTAAAGAAG TTGAAAATGC GATTCAACGT 420  
 ATTACACAAA TGGCACGTGC AGCAGGTATA CATTTAATTG TAGCGACACA AAGACCTTCT 480  
 GTGGATGTAA TTACAGGTAT CATTAAAAAT AATATTCCAT CTAGAATAGC TTTTGCTGTG 540  
 AGTTCTCAA CAGATTCAAG AACTATTATT GGTACTGGCG GCGCAGAAAA GtKACTTGGT 600  
 AAAGGTGACA TGTTATACGT TGGAAATGGT GACTCATCAC AAACACGTAT TCAAGGGGCG 660  
 TTTTAAAGTG ACCAAGAGGT GCAAGATGTT GTAAATTATG TAGTAGAACA ACAACAGGCA 720  
 AATTATGTAA AAGAAATGGA ACCAGATGCA CCAGTGGATA AATCGGAAAT GAAAAGTGAA 780  
 GATGCTTTAT ATGaTGAAGC GTATTTGTTT GTTGTTGaAC AACAAAAGGC aAGTACATCA 840  
 TTGTTACAAC GCCAATTTaG AATTGGtTAT AATAGAGCAT CTAGGTTGAT GGATGATTTA 900  
 GAACGCAATC AGGTAATCGG TCCACAAAAA GGAAGCAAGC CTAGACAAGT TTTAATAGAT 960  
 CTTAATAATG ACGAGGTGTA AAAAAATGTC AGAAATGAAT GCGGTATATA ACGTTAAACA 1020  
 ATaCATTTtA AATTTgATTA AGCAAAATAA ATTGGAATAT GGTGACCAAC TTCCAAGTAA 1080  
 TTTATCAATT GCCAGAGAAT TAAATGTAAA AACCGACGAT GTTTATGAAG CAATTCAGcA 1140  
 TTGATTACTG AACAAGTCAT TAAAGATaT TTGAAGAGGG CACAAGTGTT AAGTCACTGC 1200

GrtTTGAATG CGGAACT

1277

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 257:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3557 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 257:

	TACCGTCGTT TTATGyGTCA AATTTTACAG TAAATTTTGC TTCATCAAAA GAAATAACCT	60
15	TTAACAAGTA TAGTAATTTT ACATTTTACA ATGTTACAAA ATATAATTTT TTATAATTAG	120
	TTAAAATCAC TAAAACGCTT TTATACACTA TCAAATCAGC ATTTATAAAA ATATGAACCG	180
20	ATATCCTAAA ATGTTAATAA TATTACAAGA TAATAACAyA CCACACAAAG CTACTTATTT	240
	TTGATAATAT GGAAATCGTA ATATAAAACn AAAACTTAAT TTAATATATA AATTGTCTTA	300
	ATAATTTTTA AAAGTAGTAA AACATAATTT TAAGGAGGAG TCCCTTTGAA AAAATTAGCA	360
25	TTTGCAATAA CAGCAACATC TGGTGCAGCT GCATTTTTAA CGCATCATGA TGCACAAGCT	420
	TCTACACAAC ATACAGTACA ATCTGGTGAA TCATTATGGA GTATTGCTCA AAAATACAAC	480
	ACTTCAGTAG AGAGTATTAA ACAAATAAAC CAATTAGATA ACAACTTGGT ATTCCCTGGT	540
30	CAAGTTATCT CAGTAGGTGG AAGTGATGCA CAAAATACGT CAAACACTTC TCCACAAGCT	600
	GGTTCAGCAT CATCTCATAC TGTACAAGCT GGTGAATCAT TAAATATCAT TGCTAGCAGA	660
	TATGGTGTTT CAGTTGATCA ATTAATGGCA GCCAATAACT TACGTGGTTA TTTAATTATG	720
35	CCTAACCAAA CATTACAAAT TCCTAATGGT GGATCAGGTG GTACAACACC AACAGCTACA	780
	ACAGG TAGCA ATGGCAATGC ATCATCTTTT AATCACCAAA ATTTATACAC TGCTGGTCAA	840
	TGTACATGGT ACGTATTTGA CCGTCGTGCT CAAGCTGGTA GTCCAATTAG CACATATTGG	900
40	TCAGACGCTA AGTATTGGGC TGGTAACGCA GCTAATGATG GTTACCAAGT AAACAACACA	960
	CCATCAGTTG GTTCAATTAT GCAAAGCACA CCTGGTCCAT ATGGTCATGT TGCTTATGTT	1020
	GAACGTGTCA ATGGTGATGG TAGTATCTTG ATTTCTGAAA TGAATTACAC ATATGGTCCA	1080
45	TACAATATGA ACTACCGTAC AATTCCAGCT TCAGAAGTTT CTAGCTATGC ATTCATCCAT	1140
	TAATTAAATA AATTGTACTG ATATATACTA GCAATTCACA TCATGTGAGA TTGCTAGTTT	1200
50	TTTATTTTTG AAAAAAATTT TCATTTTGGT ACAAAAAATT ATCTCACCCT TCCCTATCAT	1260
	ACATATTTAT ATTTTGTATG AATGGTAGTT AGGTAAAAAT TAACAACCTA CCTATTTGAT	1320



	ATTTAATTTG TTATACCAGT ATTTTACGCT TTTTCGTCTA CATATACAAA TTTATATTAA	1440
	ATAAAGCCCA ATACAATTTA GGTTAATTAA ACAAGTTGAT AACTATTTAA TTATTCCTTC	1500
5	ATTGAAGAAT ATAAACTATT AAATCATTAT TTTGCTCTTA CATATATTTT AATGACCTAA	1560
	CTGaTTATGT TCCATGGAAT ACATTTATAA TATAGCCTCC TAATTAARAT GCyTTGTCTT	1620
	GGTCATTCTA CGTAAATTCT ATAAAATATG TTATCTACTT ACATAARAn CTGrACTTCA	1680
10	ATACCACCAT ATGTTTGTGA TACTGAAGTT CAGTTTAGTT TTATTTTCAA TTAGAAAAAT	1740
	AAGTTAAGTA TATAGAATAG TAAACCTGCT AACAATGCTG AAATAGGTAA TGTAATCACC	1800
	CATGTAATGA TCATTCGTTG CGCAGTGCTC CATTTTACAC CTTTAGCTCG GTTAGAAGCA	1860
15	CCAACACCTA AGATTGATGA TGACACAACG TGAGTTGTTG ATAATGGGAA ATGTAGCGAT	1920
	GATGCAACAA AAATTGTTAA TGCAGATGAT AAATCGGCCG CAGCACCAAT TGCTGGACGT	1980
20	ATTTTCATAA TATTACCACC TACAGTTTTG ATAATTTTCC AGCCACCAAT TGCAGTACCA	2040
	AGCCCCATTG cTGTCGCACA GGCAAATTTT ACCCATAACT GTGGTTCAAC ACTGCCATCA	2100
	TTCTGTACAT TAGCGACAAT CAATGCCAAC GTAATAATAC CCATTGATTT TTGCGCATCA	2160
25	TTCGTACCGT GAGAGAATGA TTGTAACGCT GCTGTGAAAA TTTGGAAAAA TCTAAAGTTA	2220
	CGATTCGCTC TTGTTAAATT TGCATTTTTA AAGATAACTT TAAAAATTGA ATACATCAAG	2280
	AAACCAACAC AAAATGCGAT AATCGGTGAA ACGATTAATA CAATAATAAT TTTTGTGAAA	2340
30	CCTTGGTAAT GTAACACTCC AAATGAGCCT TCAGATGCCA TTGCTGCACC CGCAATTGAA	2400
	CCTATAAGTG CATGTGAAGA CGAACTTGA ATTCCGTAAA ACCAAGTAGC TAAATTCCAA	2460
	ATAATAGCCG CAAGTATTGC AGCTAACACA ACAACTAATC CATTTTCCAA TTTAAATGGA	2520
35	TCGACAATGT CTTTAGTAAT GGTGCCTGCA ACGCCCGTAA ATGTTAAAGC ACCTATAAAG	2580
	TTCAATCACTG CTGCCATTAA AATTGCCGTT TTAGGgTTAA CGCTCTAGTA GATACAGCAG	2640
	TAGCTACTGC ATTGGcTGTA TCATGGAaTC CcATTGATAA AGTCAAATAT CAGCGAGAAA	2700
40	ATAACTACAG CTATAGTGAC GATGATTATA TATGACATAA ATATATACTC CCCTTAGCTA	2760
	TTTTTCATAA TAATAGTTTC AAAATTATTT GCTACGATTT GACATTTATC AGCGATTTCT	2820
	TCCATGCTTT CATAAATATC TTTTATTTTA ATTAAAGTGA TTGGATCTGT TTCGCTATTG	2880
45	AAAATATGTT TAATTGACTG TCTTAAATA CCATCACAGT TTGTTTCAAA TTCTTTAATA	2940
	TTAATTGAAT GAATACGCAT ATGTGATAAT TTTTATCGA CTAATAAGCC GACAGCAAGT	3000
50	TTCAATTTCTG CAACTGCTTT TTGAATGTTA TCAACAACT CAGCCATATA TTCATCTGTG	3060
	TATTCGATTG AATACATTTT AAACATrGCT GCCGTTTCTT CAATTGCATC TAAAACATCA	3120

	TTTAAATCAG TAATTACTTG ATGTACTAAc tCGcACCATG TGACTCATAA GTTTTAATGT	3240
	TGTCTGAGTA TGCTTTTAAA TCTAAATGTG TATTGAAATC CATTTTACCG AATTCAATAG	3300
5	CAGCACGATC CAGATTGAAA ACCATCTCTT CTAATTGAAC CATAAACTTA TCTTTTTTCT	3360
	TACTAAACAT TTAAAATCCT CCATTTAAGC GATTGTCACC AATCACATTC AGTTATAATT	3420
	TGTTTCAAAT TAAGACAAGT GAATTTACAA ACTAATGATA CAAATTGTGTT ATTATCAATC	3480
10	GTCAGTATAA TTTTAGTGTA CTGATATTAA TTTCAAAAAT GCCTCACAGT AAACAATTTA	3540
	CTGTATTTGC CCTTATA	3557

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 258:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1631 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 258:

25	AACTATACAT TTCGAAAAAT TCTTCTAGTG AACCTGCGCC ACCAGGAGCC ATGACAAATG	60
	CATCTGCAAG TTCTGCCATT TTATTTTnAC GTTCATGCAT AGAATCAACT AAAATTAATT	120
	CAGTTAAACG TTGGCTTGTG ATTTTCATGTT CATCTAACAT TTTAGGCATG ACGCCAATAG	180
30	CTTTGCCGCC ATGATCTAAT ACACCATCTT GaATGGCACC CATAATGCCA ATTGACCCTG	240
	CACCAAATAC TAATTCATAA CCTTGTTTCAG CAAAATATTT ACCTAAATCG TATGCTTTTT	300
	GTACATATGA AGGGTCATGA CCTTTGCTTG CACCACAATA AACTGCGATT CGTTTCATGT	360
35	TAATCCAGCT CCTTAATTCG ATGAATGACT TTTAATAGTG ATTGTTCAAA CACTTTTGA	420
	TCTTCTTTTG TAAAAGGTGG GGGACCTTTG TGGCGACCAC CTTGTTTTCT AATTTGTGCA	480
	TTCAATATATC GTTTATCTAA TAGTTGTTGA ATATTTTGG AATTGTATAT CTTCCCATTA	540
40	TGATGCATGA CAATTAAGAC TTTGTCGACT AATAAACTTG CGAGTCCATA ATCTTGAGTG	600
	ACTACGATAT CATCCTTCGT TGATAATTGA ACAATTTTGT AATCAACTGC ATCTGGTCCA	660
	TCATCAACAT ATAATGTTGA TACATGTGGA GGATATAATT GGTTGAAAA ATGGCTGAAG	720
45	CTCCGAATAA TTGTCACAAA AATGCCTGTC TCAGTTGTTA AATCTATAAT AGAATCAACA	780
	ACAGGACAAG CATCTCCATC AATAATAATA TGTGTCACAA TTATGCCTCT GTATTGTTTT	840
50	CTTTATTTTG TTGAGAGGCG CTTTGGCAA CATAATCTTT ATATTTTTTA AATGACTTGA	900
	TGCGTGCTTT ATCAGCTTCT TGTTGGCGTT TTTGTTCTTC TTTGTGTCGT TTTTCAATAT	960

CGCCTTTTTT CTCAGTTTTC TCATCTAATT TATTAGGTGT TAAGCCTGCT TTTTCTTCGT 1080  
 ATTTTGTGA TTTTTCATA TCTTTAATAC GTTGTATTTC ATTCTTTTCG CGGGCTTTTT 1140  
 5 GCTCTTCTTT ATGACGCTTT TCGATATTTT TTTGAAGTAT TTTATTTCATT TTATCAGCGT 1200  
 CTTTACGATT TTGTTTAGCT AATTTTTCGC CTTTTTCTC AATATAGGCA GGATCATGTT 1260  
 CTCTAGCAAA CTTTTTAAGT TCACGTTTAT TTTCAAAATC TTGTTTTTTA TCGCCGACAT 1320  
 10 ATTCTTTAAC ATCACTCGCT GTGTTACTGA TTGCTGCAGA TGTTTTTGAA GCAACTTTAC 1380  
 TTGTAGCATC TGTAACTTTT TGTACGTCCG GATGTTGTTT GATACGTTTA CGTTCAACAA 1440  
 TTAACGGTAC CAATACAATT GGTAATACAT TAATCATAAA TTTGATGACT TTTTCTTAT 1500  
 15 CCATAGATCT TGcCTCCaTA ATTACTTTAT TAAtTTTACa TACCcATGa TACATCAATA 1560  
 TAAACGATGA TAGTAGTGAA TCACTATTAA GTATTTTACA TGTtTTtTAA AAgAAGaCCC 1620  
 20 AATTAnAAAA A 1631

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 259:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

25 (A) LENGTH: 6645 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid.  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 259:

CGAAATCATG ATTTAATGCT TTTTCATATA AGCTTTTCCA ATTAATCTTT CGTCCATGAT 60  
 ATTCTTCAAC TGTTGCTAGA TATTGTGCAA TTTTAGTTAC TTTAAAGGAG TGTGCTGCAA 120  
 35 CaTTGTGkTC mAAATATTTA AATTTTCCaG GtAATCTTAT AAGTCTTTCC aTATCTGATA 180  
 ATCTtTTAAA ATATTGATGT ACACCCATTT CAATTACCTC CTCCATTAAT TAATCATAAA 240  
 TTATACTTTC TTTTACATA TCAATCAATT AAATATCATT TaAATATCTT CTTTaTATAA 300  
 40 cTCTGATTAA ATGATACCAA AAAATCctCT CAACCTGTTA CTTAAACAGG CTAAGAGGAT 360  
 AGTCTTGTCT TGATATATTA CTTAGTGGAT GTAATTATAT TTTCTGGAT TTAAAATTGT 420  
 TCTTGAAGAT TTAACATTAA ATCCAGCATA GTTCATTTCA GAAACAGTAA TTGTTCCATT 480  
 45 AGGGTTTACA GATTCAACAA CACCAACATG TCCATATGGA CCAGCAGCTG TTTGGAAAAT 540  
 AGCGCCAAC TCTGGTGTtT TATCTACTTT AAATCCTGCA ACTTTTGCTG CGTAATTCCA 600  
 50 GTTATTTGCA TTGCCCCATA AACTTCCTAT ACTTCTACCT AATTGTGCAC GACGATCGAA 660  
 AGCATAATAT GTGCAGTTTC CATAAGCATA TAAGTTTCCT CTGTTAGCAA CTGATTTATT 720

55

	TACATTA	ACT	GTCTTAG	TCTA	CTGCTTG	CCTT	AGGTGCT	TGC	TTAACTACTA	CTTTTTTAGA	840
	TGCTTG	TGT	ACAGGT	TGTT	TTACTAC	CCTT	TTTAGCT	TGG	CTTGCTTTTC	TTACTGGTGA	900
5	TTTAAC	CGCT	TTAGTT	TGTT	TCACTT	TATT	TTGAGG	CACA	AGTGAAATCA	CGTCACCAGG	960
	AAAAAT	TAAA	GGTGTT	TACAC	CAGGATT	TGTA	TGAATATAAT	TGATTCAACG	TTAAGTGATG		1020
	CTCTAA	AGCA	ATCTTAT	TATA	ATGAATC	GCC	AGCAACTACT	GTATAAGTTG	TCGGTGATTG		1080
10	CGTTTG	TGCT	TGAACAT	TTTG	ATACATA	AATT	ATGTTGAACA	GGTGTTTTTA	CTTGTGTGCC		1140
	ATGTTG	TGT	GCATGT	GCTG	CATTATT	TAA	AGCTAAAAAA	GCTAACACTG	ACGAAACCGT		1200
	CACTGT	AAGA	GATTTTT	TCA	TCTTGCT	GTC	ATTCCTTTGC	TGTTAGTATT	TTAAGTATGC		1260
15	AAATACT	TATA	GCACAATA	CA	TTTTGT	CAAA	AGCTATTGTT	ATAACGATGT	AATCAAATGG		1320
	TTAACA	ATAT	AAAAAGA	ATA	CAACCTT	TTTA	TCATAGTGTA	AAATGTATTC	ATACCATGTA		1380
20	ATTGAGA	ACG	TTTTCA	ATAA	TTAATT	CAAT	ACCTTGAAAA	TCGCCATAGG	TAATATTACT		1440
	AAATGC	CACAC	TGCATAT	GTT	GTTTTA	ACAA	ACACAACCTT	TAAAAAATAT	ATTCTAACTC		1500
	TATCTAC	CGA	ATTGTACT	TA	AATATT	CATA	AACAAATCAT	ATTCCAAAAT	CTAATTTACA		1560
25	ATTTATT	TAG	CTACCTT	TAA	AAAAAC	CAAA	AACCGACGCC	CTTTTAGAGC	CTCGGTTTTA		1620
	AAATATA	TAT	TAATCGT	GCG	ACATTGT	CTG	TCTTAAATAT	GATTTCGATAA	ATGGTCCAAT		1680
	GTCTCC	ATCC	ATCACTG	CAT	CAACCTT	ACC	TGTTTCTTCG	TTCGTACGAT	GATCTTTCAC		1740
30	CATTGAG	TAT	GGATGG	AAAA	CATATG	ATCT	AATTTGGCTT	CCCCAGCCGA	TTTCTTTTTG		1800
	TTCGCC	CAG	ATTTCAG	CCA	TTTCAC	GTG	CTGCTCTTCC	AATTTTAATT	GATATAATTT		1860
	AGACTTT	AAC	ATTTTC	ATAG	CTGCTT	CACG	GTTTTTAATT	TGAGAACGTT	CATTTTGGTT		1920
35	ATTAACA	ACT	ATACCTG	AGG	GGTGGT	GGGT	AATTCGTATT	GCCGATTGAG	TTTTGTAAAT		1980
	ATGCTG	ACCA	CCTGCACC	AG	AAGCTCT	GAA	TGTATCAACT	GTAATATCAT	CCGGATTGAT		2040
	TTCAAT	CTCT	ATTTCA	T	TATTA	AAATC	TGGAATAACG	TCGCATGATG	CAAATGATGT		2100
40	ATGACG	ACGT	CCTGAT	GAAT	CAAATG	GAGA	AATTCGTACT	AGTCGGTGTA	CACCTTTTTC		2160
	AGCTTTT	TAAA	TAACCATA	AG	CATTAT	GCCC	TTTGATGAGC	AATGTTACAC	TTTAAATCCC		2220
45	CGCTTC	ATCC	CCAGGTAG	AT	AATCAAC	AGT	TTCAACTTTA	AAGCCTTTCT	TCTCACAATA		2280
	ACGTTG	AATAC	ATTCTAA	ATA	GCATATT	AGC	CCAATCTTGA	GACTCCGTGC	CACCTGCACC		2340
	AGGATG	TAAAC	TCTAGA	ATTG	CGTTATT	GGC	ATCGTGAGGC	CCATCTAATA	ATAATTGCAA		2400
50	TTCGTAT	TCA	TCCACTT	TAG	CCTTAA	AATT	AATGACCTCT	TGCTCTAAGT	CTTCTTTCAT		2460
	TTCTTC	CATCA	AATTCTT	CTT	GTAATA	AAATC	CCAAGTAGCA	TCCATGTCAT	CTACTTCTGC		2520

55

	TTGCGCTTTC GTTTGGTTAT CCCAAAAATT AGGTTCTGCC ATCATTCTT CATATTCTTG	2640
	AATATTAGTT TCTTTGTTCT CTAAGTCAAA GAGACCCCT AATTTGTGTT AAATCTTGAT	2700
5	TATACTTATC TATATTTCTG TTGATTTCTG ATAATTCAT AGCATTCTGCT CCTATTTATA	2760
	TTTCAATTCA AGTCATTGAT TTGCATCTTT TATAATGCTA AATTTTAACA TAATTTTGTT	2820
	AAATAACAAT GTTAAGAAAT ATAAGCACAC TGACAATTAG TTTATGCATT TATTGTTAAA	2880
10	AATCAGTACA TTTATCATCG ACATATGCCT AAACCGATTT TTTAAACTA AGTACATAAC	2940
	AACGTTTAAAC AACTTCTTCA CATTTTTTAA AGTATTTAAC GCTTGTAATA TAAAAAGACT	3000
	CCTCCCATAA CACAACTAT AGGTGTTTAA TTGGAAGGAG TTATTTTATA TCATTTATTT	3060
15	TCCATGGCAA TTTTGAATT TTTTACCACT ACCACATGGA CAATCATCGT TACGACCAAC	3120
	TTGATCGCCT TTAACGATTG GTTTCGGTTT CACTTTTTCT TTACCATCTT CAGCTGAAAC	3180
	GTGCTTCGCT TCACCAAAC CTGTTGTTTT TTCACGTTCA ATATTATCTT CAACTTGTAAC	3240
20	TACAGATTTT AAAATGAATT TACAAGTATC TTCTTCAATA TTTTGCATCA TGATATCAAA	3300
	TAATTCATGA CCTTCATTTT GATAGTCACG TAATGGATTT TGTGTGTCAT AAGAACGTAA	3360
	GTGAATACCT TGACGTAATT GATCCATTGT GTCGATATGA TCAGTCCAAT GGCTATCAAT	3420
25	AGAACGAAGT AAAATCATAC GCTCAAACCTC ATTCATTTGT TCTTCTAAGA TATCTTTTTG	3480
	ACTTTGATAT GCTGCTTCAA TCTTAGCCCA AACGACTTCG AAAATATCTT CAGCATCTTT	3540
30	ACCTTTGATA TCATCCTCTG TAATGTCACC TTCTTGTAAG AAGATGTCAT TAATGTAGTC	3600
	GATGAATGGT TGATATTCAG GCTCGTCATC TGCTGTATTA ATATAGTAAT TGATACTACG	3660
	TTGTAACGTT GAACGTAGCA TTGCATCTAC AACTTGAGAG CTGTCTTCTT CATCAATAAT	3720
35	ACTATTTCTT TCGTTATAGA TAATTTACAG TTGTTTACGT AATACTTCAT CGTATTCTAA	3780
	GATACTGTTA CGCGCGTCGA AGTTATTACC TTCTACACGT TTTTGTGCTG ATTCTACAGC	3840
	TCTTGATACC ATTTTGTGATT CAATTGGTGT AGAGTCATCT AAACCTAGTC GGCTCATCAT	3900
40	TTTCTGTAAA CGTTCAGAAC CAAAACGAAT CATTAAATCA TCTTGTAATG ATAAATAGAA	3960
	GCGACTATCC CCTTTATCAC CTTGACGTCC AGAACGACCA CGTAACTGGT CATCAATACG	4020
	ACGAGATTCA TGTCGCTCTG TACCTATTAC TGCTAAACCG CCTAATTCCT CTACGCCTTC	4080
45	ACCTAATTTG ATATCTGTAC CACGACCAGC CATGTTAGTG GCAATAGTAA CGGCACCTTT	4140
	TTGTCCAGCG CCTGCAACAA TTTGAGCTTC ACGTTCATGA TTTTTCGCAT TTAACACATC	4200
	ATGACGGATA CCACGTTTTT TAAGTAAATT TGAAATATAT TCAGAAGTCT CAACTGCAAC	4260
50	AGTACCTAAT AGCACTGGTT GCCCTGCCTT GTGTTTTTCA ACAACATCTT CTACTACTGC	4320

55



	TTTATTTGTC GGAATTTGAG TTAGTGTCAT GTTATAAATA TTTCTAAATT CTTCTTCTTC	4440
	AGTTTTAGCT GTACCTGTCA TACCCGCAAG TTTATTGTAC ATTCTGAAAT AGTTTTGGAA	4500
5	TGTAATAGAC GCCATAGTTT TAGATTCATT TTGAATTTGA ACGCCTTCCT TCGCTTCAAT	4560
	AGCTTGGTGT AAACCTTCCG AGAAACGACG GCCTGGCATT GTACGTCCTG TAAATTGATC	4620
	GACAATTAAT ACTTCGCCAT CAACAACCAT ATAGTCTACG TCACGTTGTA ATGTAACGTG	4680
10	CGCACGTAAA GCTGTGTTGA TATGACTAAT AACATCAACA TTTTGTACAT CATATAAGTT	4740
	TTCAACTTTG AACATACGTT CAGCTTTATC CGCACCTTGT TCTGTTAAAT GTACAGCTTT	4800
	CGTTTTTTCA TCGTATTTAT AATCTTCGTC CTGTTTTAAC ATTTTCGCAA AAACATTTGC	4860
15	TTGTGTATAA AGTGACGTTG ACTTTTCAGC TTCACCAGAA ATAATTAATG GCGTACGTGC	4920
	CTCGTCGATT AAAATTGAGT CAACCTCATC AATGATTGCA AAATGTAATG GACGCATTAC	4980
	TCTATCTTCA GAATAATTCA CCATGTTATC TCGTAAGTAA TCAAAACCTA GCTCATTATT	5040
20	AGTACTGTAA GTAATGTCTT GTGCGTATGC TTCACGTTTT TCTTCTGTCTG TCTTACTGTT	5100
	TAAGTTTAAT CCGACAGTCA AACCTAAGAA GTTATATAAC TCAGCCATTT CTTCACTTTG	5160
	AACACTTGAT AAGTATTCAT TGA CTGTAAT AACGTGAACA CCTCTACCAG CTAATGCATT	5220
25	TAAGTATGTT GGCATTGTCTG CTGTTAATGT TTTACCTTCA CCTGTTCTCA TCTCAGCGAT	5280
	ATCACCTTTA TGAATTGCAA TACCACCCAT AATTTGAACT TTATATGGTG TCATATTGAA	5340
	TACACGTTTA GAGCCTTCTC TAACAAGTGC ATATGCTTCT GGTAAAATTT TATCTAAATA	5400
30	ATCATTTTGC TTTTGTGACAT TATCAATGTC AGCTAATTCT GTTTGGAATT GTTTCGTTTT	5460
	ATTACGAATT TCTTCATCAG TTAAAATTGC CGTTTTTTCT TCTAAAGCGA TTAGTTTATC	5520
35	AGCAAGTTTA CCTAACTGTT TAATTTCTTT ATTATTGCCA TCAAGAATTT TTGATAAAAA	5580
	TCCCATTTCG TTCGCTCCTT TAGCTAAAAA ACTGTTTGGC CTACAACAAT ATATCTTATC	5640
	ATTTATAGTT AGAAAATTAT ACTTATTTAC TCATTGTAG AATCAATATA AATATATTTA	5700
40	TGACATACTT CATTACACATT CTGTTGTCAA CAAGTTTATC ACTAATAAAT ATATTCTCAA	5760
	TACGCAATTA TACTTCCTAA TAAATTATAT TATAAATATT TTACGATTTT CGACTCGGAC	5820
	TATACAATAG ACTGACATAC TATTATTAAC TTAACATTCA AATATATACA TCCATTAACA	5880
45	TTAGCATAGT CACTATGTTT CATTCAACAA ATTACATTAT CGAACTATGA AATAGTCATA	5940
	ATTTGCTTTT GGAGTATAAA AAAGCACTTG TGCAAAAACA CAAGTGCTTT AAACCTAATT	6000
	TATTGTTTAC TAGTTTGAAT CAAGCCATAT TTACCGTCTT TACGGCGGTA AACGATACTT	6060
50	GTTCCATCAG TTTCTCTGTC TGTGAATACA AAGAAGTCAT GACCTAATAG ATTCATTTGT	6120

55

ATCTCGTTAT CATCGTAAGC GTCATTATCA ACTTGTGTTT CTTGCATTTC TTGTAATTTC 6240  
 GCAACAAACA CTTCTTGATC TCCTCGATCA CGGCTCTTAC GATTAATACG TGTTTTATAT 6300  
 5 TTTCGAACTT GTCTTTCAAG TTTATTATTA ATTAAATCAA TACCTGCGTA TAAATCATCG 6360  
 TTTCGCTCTT CAGCTCTTAA CGTAACATTT TTCAATGGAA TTGTTACTTC AATTTTAGTA 6420  
 GCTGAATTTG AATAAGTTTT AACTTTAACA TGCGCCACTG CATTGCGTAC GTCATTAAAA 6480  
 10 TAACGTTCCA ACTTACCAAT TTTTTCCKCA ATATAGTTGC GAATAGCATC TGTGATAGTG 6540  
 AGGTTATCTC CATGAATTC AAATCTAATC ATAGTAAATC TCTCCTTAAA CCTCTTTATn 6600  
 GGnAACTCnT TATTATATTT AACATTTTnA CGCCAATCGT GCAAA 6645

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 260:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 7430 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 260:

CAGTTCAGC ACAtCTATTG GGGATCAACA AACTAGGGAA AATGCTAATT ATCAACGTGA 60  
 AAACGGTGTT GACGAACAGC AACATACTGA AAATTAACT AAGAACTTGC ATAATGATAA 120  
 30 AACAAATATCA GAAGAAAATC ATCGTAAAC AGATGATTG AATAAAGATC AACTAAAGGA 180  
 TGATAAAAAA TCATCGCTTA ATAATAAAAA TATTCAACGT GATACAACAA AAAATAACAA 240  
 TGCTAATCCT AGCGATGTAA ATCAAGGGTT AGAACAGGCT ATTAATGATG GTAAACAAAG 300  
 35 TAAAGTGGCG TCACAGCAAC AGTCAAAAGA GGCAGATAAT AGTCAAGATT CAAACGCTAA 360  
 TAACAATCTA CCTTCACAAA GTCGAATAAA GGAAGCACCA TCATTAAATA AGTTAGATCA 420  
 AACAAAGTCAA CGAGAAATTG TTAATGAGAC AGAAATAGAG AAAGTACAAC CACAACAAAA 480  
 40 TAATCAAGCG AATGATAAAA TTACTAACTA CAATTTTAAC AATGAACAAG AAGTGAAaCC 540  
 TCAAAAAGAC GAAAAAACAC TATCAGTTTC AGATTTAAAA AACAAATCAA AATCACCAGT 600  
 AGAACCAACA AAGGACAATG ACAAGAAAAA TGGATTAAAT TTATTAAAAA GTAGTGCAGT 660  
 45 AGCAACGTTA CCAAACAAAG GGACAAAGGA ACTTACTGCA AAAGCGAAAG ATGATCAAAC 720  
 GAATAAAGTT GCCAAACAAG GGCAGTATAA AAATCAGGAT CCTATCGTTT TAGTGCATGG 780  
 50 TTTCAATGGG TTTACAGATG ATATTAATCC TTCAGTGTTA GCTCATTATT GGGGCGGTAA 840  
 TAAATGAAC ATTCGCCAAG ATTTAGAAGA AAATGGTTAC AAAGCTTATG AAGCAAGTAT 900

	TCGTGTAGAT TATGGTGCAG CACATGCAGC AAAATATGGA CATGAACGTT ATGGAAAAAC	1020
	ATACGAaGGA ATTTACAAAG ACTGGAAACC AGGACAGAAG GTACACCTAG TTGGACATAG	1080
5	TATGGGCGGT CAAACGATAC GTCAACTAGA AGAATTACTG CGTAATGGTA ATCGTGAAGA	1140
	AATAGAGTAT CAAAAGAAAC ATGGTGGcGA AATTTCTCCA CTATTCAAAG GTAATCATGA	1200
	CAATATGATT TCATCAATTA CTACTTTAGG AACACCACAT AATGGTACAC ACGCATCAGA	1260
10	TTTAGCTGGT AATGAAGCTT TAGTGAGACA AATCGTATTT GATATCGGTA AAATGTTTGG	1320
	TAATAAAAAT TCAAGAGTAG ACTTCGGGTT GGCTCAATGG GGTCTAAAAC AGAAGCCAAA	1380
	TGAATCATAT ATTGATTATG TCAAACGCGT TAAACAATCT AATTTATGGA AATCAAAAGA	1440
15	TAATGGATTT TACGATCTGA CGCGTGAGGG TGCAncAGAT TTAAATCGTA AAACGTCGTT	1500
	GAACCCTAAC ATTGTGTATA AAACATACAC TGGTGAAGCA ACGCACAAAG CATTAAATAG	1560
	CGATAGACAA AAAGCAGACT TAAATATGTT TTTCCCATTT GTGATTACTG GTAACCTAAT	1620
20	CGGTAAAGCT ACTGAAAAAG AATGGCGAGA AAACGATGGT TTAGTATCCG TTATTTCTTC	1680
	TCAACATCCA TTTAATCAAG CTTATACAAA AGCGACAGAT AAAATTCAAA AAGGCATTTG	1740
25	GCAAGTGACG CCTACAAAAC ATGATTGGGA TCATGTTGAC TTTGTAGGAC AAGACAGTTC	1800
	TGATACAGTG CGCACAAGAG AAGAATTACA AGATTTTGG CATCATTTAG CAGACGATTT	1860
	AGTGAAAAC T GAAAAGCTGA CTGATACTAA GCAAGCATAA TTTATAAAGT AAAGGGAGGA	1920
30	ATTAATAATG ACTGCAGACT TCTTTCAATT AATCGGATCA TTATTTAGAA TTCTAAAAGA	1980
	ATTATTCAAG TAAAACATTG GCGAGGCCCC AACATAAAGA ATTTCGAAAA GAAATTCTAC	2040
	AAACAATGCA AGTTGGCGGG GCCCCAACAA AGAAGCTGGC GGAAAGTCAG CTTACAATAA	2100
35	TGTGCAAGTT GGCGGGGCCC CAACATAGAA GCTGGCGGAA AGTCAGGTTA CAATAATGTG	2160
	CAAGTTGGGG TGGGACGACG AAATAAATTT TGCGAAAATA TCATTTCTGT CCCACTCCCA	2220
	TTGGCATTTA CGAAGTTTAA ATGTGCAATT AGAATATATG TATAACAATA TTAAACACGC	2280
40	GGTAAACGA AGTCAGTCAA TTCAAACCTGA TTTGCCCCAC CGCGTGT TTTT TAACATAGCT	2340
	TAATAATTAA TAAGCATTAA TGTTC AATTT ATATGGTTGT TTTCCAATAA TAAACCTAAA	2400
	GATATAGAAT TCACGCAATA TCATGCCGAC ACCTATACAT AATCCTAAAA TGAATAGTAG	2460
45	TGATATCGCT AGAAAGACCA TTGTATTATC CTCAAATATA TTTGTATATG CAAACAATGA	2520
	GTCTAGAATG ATTGGATGTA ATAAATAAAT AAAGAATGAG AAAGCACTAA TCATTTGAAT	2580
50	CGTATTAAAT AACATTGTTT TAAAATGCGT GCAAATACCC AAGATAACAA TAAACATAAT	2640
	ACTATTATAT GGTGTTAATG AATATGAAAA GCTGGTAACG TTCCAATAGT CTCCaTTTGT	2700

55

	TCTAAGAAAT	TTAATACACG	TTCGTAGTTA	TAACCCATAT	ATGCACCTAA	GAAGAAATAA	2820
	AAAATCCATC	CGAATATTAT	AGTATTTTCA	CTTAATGGAT	AATAGTGTAG	CACGGTATCG	2880
5	TGAAACGCTG	TGTTGTTTCG	AAAGTAATAT	AAAAATGATT	GCTGTAAAAT	AAAAGATAAC	2940
	AATAATAATA	TTTTACTGTT	GAATAGGTTA	TAGTTAATTT	TAAAAATGAT	ATAACTCAAA	3000
	ATAAAGAATT	GCATGATAAC	AACGATAAAA	TAGCCATACC	ATTGACCTAA	TAGGACATTT	3060
10	TCAATGAATT	GTTTATTGAA	ACTTGAATCT	GTTAATAATG	ATTCACTATA	ACTGTAAAAC	3120
	AATCCCATTA	ATATGTAAGG	AATAAGTATA	TATTTTACGC	GTGTAGTTAA	GTATCTATAG	3180
	GTGACTTTTT	GGTAATTCAA	GGTTGTCAGT	AACTGTGACA	AGATAATAAA	GCAAGGTGTA	3240
15	CCAAAAATCA	CAATATTACG	AATGTAAAAT	TGTAACACTA	AGGATCCACC	CTCCATATTT	3300
	TCATGTTTTA	AAGTAATTTG	TGTAAGTAAA	TGTGTGATAA	TAATAATTGC	ACATATAATA	3360
	GCACGTAAAT	ATACGAGTTC	AAGTCTAATC	TTTTTCATGG	AATCCGTCCC	ATCTCTTAAT	3420
20	TAAATGCTCA	AAAGCATCAT	CACTAATTAA	TATTCTAGGG	ATGTAATAAT	CATTGGAGTT	3480
	CGGAGTGACT	GCTTTTTTCT	CTAATGAAAA	ACCGTATTTT	AACCCAGCTT	TTTTGATTAC	3540
	CGGTAATTIA	TCGTCATTCA	TCAAGCCATA	AGGATAGGCT	ATAGTTTTCT	GCGACTTTTT	3600
25	AAAGTTTTTA	GTTAGATATT	TTTCACTTTT	GTTTAAATCT	TTTATGATTG	TAGCTTCAGA	3660
	AGCTTTCATT	AATTTTGACT	TATTATTTTT	AGATAAGTTA	TGCAAATCGT	GGGTATGTGT	3720
30	TTCAAATTC	CATAACCCAG	TTTATACAT	TTCTTTTAGT	TCTTTTTTAC	TAATCATATC	3780
	GAGGTTGTGA	AAGTTTTTCT	CCCCAACATG	ACCTGTGATA	ATAAACCCAG	TTGCCGGTAT	3840
	TTTATATTTT	TTTAAGATTG	GATAAGCATT	TTCATAAATA	GTTTCATCCA	TATCATCAAA	3900
35	GTTAATCCAT	ACACTTCGTT	TTGGAAACTT	ACCTTTTTTC	TTGLAATATA	AAAATTCTTT	3960
	CAAGGTTAAA	AATTTAGCAT	CATGTGATTT	TAGCCATTTT	ATTTGAGATT	CAAATTGTGA	4020
	TTGACTAACA	CTATAATTTT	TAATTTCTTT	ACTACTAGAA	AAGAAGTAAA	TAAAATTATT	4080
40	CAGAAAATTC	GCTTTTCTTA	CACGGTGATA	ATTTAATGCC	AGAGCACTAT	TTTCTTTATA	4140
	TTTCAGTTTT	TTAGGTGAAT	CGTCATCTGC	ATTGCAATA	TGATGACCAT	CCAGTGTGCT	4200
	TACAGGCAAT	ATGATCAAGA	TACTCAACAC	TAAAATTATA	AATTTTCTAT	ACTTCACGAT	4260
45	TCTCTTCCTC	TCTGCCATTT	TTGAATCAAT	ATGCTAATTG	TAAAAAATAC	AAAAATGATA	4320
	ATCGCGAAAA	TGCCCATAGT	TTCAAATATA	TCTAAAATTT	CAGTATTTTC	AATGTTTAAA	4380
50	GCAACACGTA	TTGTATTGAT	ACTTTCGTCA	TGAATTTCAA	ATATAGTACC	AATATAAACG	4440
	AGTAGAACAA	CTAAACAATA	TATCCAAAAG	ACACAAGATA	TAGCGATAAG	TGCTGTTTCT	4500

55

	TTGCGTAACC ACCTTTCTTA CGTTTTAATG CTTTTGGAAA TCGACAAGA ACTACTGCTG	4620
	CGTTAATAAT CCAGTATACT GTCGGATACC AACTTACAAA TATGAGTCCA GCCATATTCT	4680
5	TTTTCTCGTA GCGACTATCA ATAAAGAGTG CGACTGTAAA TTGAATAACG TTTATAAAAG	4740
	TCATAGTAAA TGATGATAGT AGAAATATTG AAAAATAATA TGTCATAAAT GTATAGTCTA	4800
	AGAAGTTTGC TGTATGAAC AAATAGCCTA AATATAGAAG CACTATATAT ACCCATAAAA	4860
10	TCGAGATGAT TTGCTCAAAC ATCAAAATAT ATAAAGGAAA CCTTTTCGTT TTCATTGTGC	4920
	TAAAAAAGTC TCGTAGTAAT ACTTCGTGTC CCCCTTGAGC CCATCTCAGC CGTTGCTTCC	4980
	AAAGACCTCC CAATGTTTCT GGAACCAACA TCCAACACAT GGCAAGCGGT TCATACTTAA	5040
15	TACGATATCC ACGTAAATGC AATTTCCAAG AAAGTGAAT ATCTTCGGTA ATCATATCAG	5100
	TATCCCAGTA GCCAACGTCG ACAACTGCAC TTTTTTTAAA TAGAGTGAAG ACACCCGAAA	5160
	TAGTATTGAC TCGCCAGCA AGTGTCTGAC TCGCTTAAT ACAGCCAATT AAAGTGCAT	5220
20	ATTCTATCGT TTGAATTTTA CCTAAAATAG AACTCTTATT TCGAATTCTA GGATTACCTG	5280
	TAACTGCACC AAGTTTTGGA TCATGTTTGA AATTCTCAAT CATATAATAT GGTGCATCTT	5340
	GATCAACGAT AGTATCTGCA TCCAAGCACA TTACATAATC ATATGAAGCC TGTTTAATGC	5400
25	CTTGATTGAG TCGTTGGCT TTACCTCTGT TTTCTGTAA ATCGACGAAA ATAAAGTCAT	5460
	TATTTTCTTT GATTTTATAG ATGAGTTCTG CTGTATTATC TGAAGTTCCA TCATTAATGA	5520
	TAATAATTTT TTTCTTCTCG TATTTGAGTG CAAGAACATT AGACAACGTA TCTTCAAYCG	5580
30	TTTCACTTTC GTTATAACAG GCAAGTAAAA ATGTAATGCC TTCTAATTCA TCCACATTTA	5640
	TGTCAGGCTT CTTGTTCAAT GAATATCTAA TTTCTCTGGT AAAATAGAAA TAAATTGAAC	5700
35	CGACAATCCA GTAAATAGAC ATAAATACAG GATAAAAAG CAAAAGTTA AAAAATTGCA	5760
	ATTCTTTTAC CTACCTTTTCG TTAGTTAGGT TGTAAGCCAT ATGGTAATTG ATAGTATTTT	5820
	AATTGCAAT AGATTGTTGT TATAATTAAA CGGAAATATT TGTAATTGCA ACTTAATTTT	5880
40	CCTGTAACAT AGTGTGATTA ATTTTCAGTA GGGGGTTATA AAAATTGAAG GATAAGATTA	5940
	TTGATAACGC AATAACCTTA TTTTCAGAGA AGGGGTATGA CGGTACAACA CTTGATGATA	6000
	TAGCTAAAAG TGTAATATA AAGAAAGCGA GTTTATATTA CCATTTTGAC TCGAAAAAAA	6060
45	GTATTTACGA ACAAAGTGTT AAATGTTGTT TTGATTACCT TAATAATATT ATTATGATGA	6120
	ATCAAAATAA ATCGAACTAT TCAATTGATG CTTTATATCA ATTCTTATTT GAGTTTATTT	6180
	TCGACATCGA AGAAAGGTAT ATTAGAATGT ACGTTCAATT ATCTAATACG CCTGAGGAAT	6240
50	TTTCTGAAA TATTTACGGA CAAATACAAG ATTTAAATCA ATCATTAAGT AAAGAGATAG	6300



TGCTGTTTCT TGAAAGTTGG TATTTGAAAG CATCCTTTTC GCAAAAATTT GGAGCAGTGG 6420  
 AAGAAAGTAA AAGTCAATTC AAAGATGAAG TGTATTCGCT ACTAAATATA TTTTGAAGA 6480  
 5 AATAATTTTT GTTACTAGTT TGTAATAATT AACTTACTTT TGTAACAAAA GACATGAGAT 6540  
 TATTTTTTTA AATCTATATA AAGTTGACAA TACAAATCGA TATTGAGAAT ATTAAGATGT 6600  
 ATATGAATTT TATAAATTAA ATGCAATACA TTAATATAAA TATCAATTGT TGCAAAATAC 6660  
 10 GATTGTTCAT ATGATTTGAT AATATTATTC TTTATATTG TGAATGGTTA AGTTTGTCTT 6720  
 TGAACATATT ATAAAAGTGT AATGTTCCCC TGAAAAGAAT AAGTTGTCAT CTAATTACAG 6780  
 GAAATCCGCA TAAATTAGAT GAAATGGAAA GTAATAAGTA ATAATTTATT GATAAGCGCC 6840  
 15 TATGTGATGG TAAATCATGA CATAGGCGCT TTTTTTTATA AGTTAAAAAT GTAAATAAAA 6900  
 ATTATATAAA TTACCCACAT CTTTTTAAAA GGTGTGGGCT TTATTATCAT TAACCCAACT 6960  
 20 CACAGTGACG GGTACGCAA GGTATTGAAT TACCGAGTAC GGCACGCTC GGTGTTGTAA 7020  
 AGAGCAAATA ATCAAGTAAT GATGATGCTT CTAATCGATT ATAAGAAAGC CATGATAGAG 7080  
 TACGATGGTA TCTAGTTTAA TTATTAATAG GTTTGGATAT TTAAAGTTGG ACAATATTAT 7140  
 25 ATCTTGTGCA AAAATATAAA TAAGTTATAC ATAATGGTAG AGAATCATGA TATAATTTTA 7200  
 AACGATAAAA TATTTATATA AATAATTAGA GAAAATGTAG TTGTGTATGT yTTGTGGtCG 7260  
 TTAAACTAGA TATAATTGTC CGATTTATAA AACATACATA ATGAATACaA TGATTGATTA 7320  
 30 TGTGGAGGAA ACCATGAmAG AmAAGTTTgA TTTAGTAAAA CTATTAAATA TTCTAAAGAA 7380  
 GAATATTAAA TTATTGCTTA TTTTACCGGC AATATGTCTT GTAGTAAGTG 7430

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 261:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4082 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 40 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 261:

45 ATTGTTACTC ATTATTTTTT CATATTCACA CAAATGATCT TGTTTATATT TAGCTAATTG 60  
 ATTTTATCT AGCATTTTAT CCTCCTGCTG AGTTTGTAAC CTTAATAAT TTATTTTCTA 120  
 TAAAACTTA GTATTCCAGT TGCTTATTAT ATCATTGATG AAAGGCTGAA ATAAACATA 180  
 50 AACTGTTCCG ACCATTAACG CTGTAGCTAA AGATAAGTCT ACAAGTCCAC CTGTTTTAAA 240  
 TTGAATCGGT GTCTTCACAT TAAACGGTAA gGAKnAAAAT AATTCACGC CTTTGGTGT 300

55

	AGGCGTCTGA ATAATTTGCA ATAAAAATGC TATGATTGCG ATAAATAATA TTGAATGCGT	420
	AAAGGTTCTGA TGTCCAAAGA TCAATCTCAC AAAAAAATA ATTACCTTAA ACCTTCTGCC	480
5	AATCTTACTT TGAGTGTGAC ATATATCGGG TAATAAGCTA GCTAGAGTTG CTAGAATGAT	540
	AACCGTAACC GACGAAAAAA TATCCGTTTG AAAATATTGT GTTGTTAGCG CTCCAACGAG	600
	CATGCCGCAT GAAGCATGTG TTTTACCTGT CATATTTGTT CTCCTTTAAT ACTCACATTT	660
10	TACCACATCC CTAACAAAAA CACGAACATA TTTTCGGGTT AAAATTCATT AGTATGACAC	720
	AATTTAAAAA AGTATCACAT AACTCTTGAA AACGATTACA AAATCGTTTA TGATGTATTT	780
15	ACAAAATATT TAAAGGATGT GTTTGAATAA TGGCAATGAC AGTAAAAAAG GATAATAATG	840
	AAGTGCATAT TCAATGGAGA GTTGCTGATA TCAAAATTCC TACAAGTGAA ATTAAAAATA	900
	TTACACAAGA CCAAGATATT CATGCAGTTC CTAAATTAGA CAGCAAAGAT GTATCTAGAA	960
20	TCGGCTCAAC GTTTGGTAAA ACGAATCGCG TTATTATCGA TACTGAAGAC CACGAATACA	1020
	TTATTTATAC TCAAAATGAT CAAAAGGTTT ACAATGAATT AACTAAATAA ATTGTATAAA	1080
	AaAATCATT C ATGGTGAGGG CTTTCATGAAT GATTTTTTTTA ATTGATTCAA CACCCAGCAT	1140
25	AAACAAATAC AAAAGGACAA CTGTTCCCAT AATTTTAACA GTTGTCCTTT TTCACATATA	1200
	TTTATAACAA AAGATGTGCC ATCAAAGAAA TAATTGGTAG TGTAATGATT GTTCTAATCA	1260
	AGAAAATCAT AAACAATTTG CCGATGCTTA CAGGAATCTT CGAACCAAGT ATGACGCCAC	1320
30	CTACTTCAGA CAAGTATATT AACTGCGATA TACTAAGTGC CCCAATAACA AAACGAGTTA	1380
	TATCATTTTG TACACCTTCA ATTAATATAG AAGGTAAAAA CATATCGGCA AAACCGATAA	1440
35	TAATCGTTTG AGAAGCCTGT GCCGCTTCAG GTATTTGCAT TAACTCTAAA AATGGAACAA	1500
	AAGGTTTACC CAATATGACA AAAAAGGGCG TGTAGTTCGC AATAATGGTA GCAATAGTAC	1560
	CAATACTCAT TACTACAGGC AAAATAACAA ACCACATATC AATGACTGTT TTTAATCCTG	1620
40	ACTTAAAAAA GTCAATAACG CCCGGTGCTT TAATACCTAC TTCTGTTGCA GTATCAAAGC	1680
	CATGTCTCAA TGCCGTCTTT CTTTCTGGCA ATGCCTCAGT ACGCGCACTT TCAGGTACCT	1740
	CCTTAGCATA CTCATCAGGA ATTTTATTTA AAGGCCAAAT TCTTGGCATA ATGACTGCTG	1800
45	CAACGAGGCA GGATACTATC ACTGATAAAT AGAAAGCAAA AAATTGATTT TGCATGTGCA	1860
	CTGTTTCAGC AACTACAATT GCAAAGGTGA TAGAACTAC ACTAAATGTC GTTGAAATAA	1920
	CTGTTGCCTC ACGACGAGAA TAATATCCTT CACCATATTG TCTACTTGTA ATTAAGACAC	1980
50	CAACAGTTCC GTCTCCAATA AATGATGCTA AATTATCTAC CGTCGAACGT CCTGGCAATG	2040
	TAAATAAAGG TCTCATAACC GGTCTAAAAA TAGGACCCAA CATCTCTAAC AAACCGTATT	2100
55		

	AACTTGAGAA CAATAATCCA CCCGTTTCAT CTGAGTAAAT AACCTTTGAA CCAATTCGTA	2220
	AAAATGTCAT CCATGCAAAA ACAACTGCTA ATATTCGTAA AATTAACCAA CCAATTCTAA	2280
5	CGTTAAAAGC ATTGTTTCATT AGCCCGTCAG GTTTC AATTT ATCTTTTAAA ATAGTTGAAC	2340
	AAATCAGAGT TATGATACCC GATAAAGTAA TTATCGTCAC AATTAAAAAT GGCATTACGC	2400
	CACCTAATAC ATCTTTAAGC ACGCCTGCTA AAAATGCCAC GGGCAACGTT GTTTGCTTCT	2460
10	GTCCATCTTG TTCGACTGGA ATTGGTACTA AAAATAATAA GATACCAATT AAAGACATCG	2520
	TAATAAACTT AAGTCTCCCA ATAACTATCT CTTTCCTTGA AAAGCTATCC ATAAAATCAA	2580
	TCCATTTCTC TATGTATTCTG TTTTAAGTAT ATACAGAATT CTATTCAGTT AACAAACATA	2640
15	TTCTTATCA TTCTATCTTT CAAAATGTTT ATGTATGCAA AATAATGAAT AATTACAGTT	2700
	ATTAAATATA CGCTATTTCT TGTAATTTTT CAAGATGAAT TCAAAAAAGG TTAAGTACAA	2760
20	TTACTGATTT CGTACTTAAC CTTTTTTAAA CTCTAATCAT ATGTTAGTTA TTTCAATCTT	2820
	CGTAATAATA TTAAGAAGTA TGGTGCACCG ATAATTGCAA TGATAACCCC AACAGGAATA	2880
	TCCAGTGGCG GATGAATGCC ACGGGCTAAA CCATCTCCAA ATGTTAACAA TATAGCACCA	2940
25	ATTAACCCCG ACATGATAAT AACGTGTAAT GTTTTATTTT CTATTAATTG TCTCGCAATA	3000
	TGAGGTGCAA TTAATCCTAA AAAGCTAATA CCACCGACAA CTGAAATTGC GGATCCTGCT	3060
	AATATTACTG CTAAAATTAA CAATAGCATT TTAATAGTTT TAACTTTTAA ACCGAGTGCG	3120
30	GTGCAACAG CATCACCTAG ATTCAATACA TCTAATTGAT AACTCAATAA AATGATGATT	3180
	GGTATCGTTA TTA AAAACCA AGGTAATATA GTATAAATAT TCGACATATC ATGTCCATAT	3240
35	AGACTACCTG TCAACCAAAC AAGCGCTTTG TTTGCTTCCA GTGGATTTCT GATTAATAAG	3300
	AACTGCACAA TCGCCGTACA TATTGCGCCT ATTGCTAAAC CAATTAAGGC AAGCTTTGAA	3360
	CCTTTAACAT CATATTTTGA AATTAAAAAT GATAAAAATA AACTTACTGC AAAGGCACCT	3420
40	AAGAATGAAC CTATAGGTAA TACAAACAAT GGTGCTGTTG GAAAGGTCAT AATAATAATC	3480
	ACAGCAGCTA AACTGGCACC TTTAGAAATA CCTATAACAT CAGGTGAGGC TAACGGGTTT	3540
	CTTATTACAG CTTGTATAAT TGCACCTGAA ATAGCCAAGC TACTACCGAT AATAATACCA	3600
45	AGTAATGTTT TAGGTATACG ATACTCATTT AAAATAAAAT CATCTTGTGT AAAGATTCCC	3660
	TTAATAGCAT CAATCGGATG AATCATGACA GACCCTACAC ATAACTTAT GAATATACTC	3720
	ACAATTAAAA GGATTGTGAT TAACTATAA CGACGTATAA TTTTCGTTGT CATCATATTC	3780
50	TTTTCACCCC TTTAATCGTT ATAAATAAGA AGTAAAGTGC ACCTACGAAT GATGTAACAA	3840
	TCCCTACTGG TGATTCATAA GGATATGTAA TTAAACGACT TAATACATCT GATAGTAGTA	3900

55

AGCGTTTGAC TATATGCGGT ACGATTAAGC CAACAAATCC AATTGGTCCT GCCACTGACA 4020  
 CCGACATACC TGTAAGAATA ATGACTAATA GTCCAATGAT AATTCTAACT TTATTTATAT 4080  
 5 TT 4082

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 262:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1145 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 262:

TATTAGAAGG TCGTTCGGAT GAACAATTAA AAAATTTAGT TAGCGAAGTA ACTGACGCCG 60  
 20 TAGAAAAAAC AACGGGGGCA AATAGACAAG CAATTCACGT TGTTATAGAA GAAATGAAAC 120  
 CAAACCATTA TGGTGTGGCT GCGTAAGAA AGTCAGATCA ATAATTCTTC ATAAGATGCA 180  
 TGCCAATTAA TTCTTTGAAA ACGAACAAGG CGACTTCTAT CTGaGTATGA TAGAAATCGC 240  
 25 CTTGTTTATT TTTAATCTTC ATCTAAAAAG TCTTTAATAG CTTGTTTATT TGTGTTTTTA 300  
 TTAATCTGTA ATGCACTACC ATCAGTATTT GTATTGACAT CyTCGTATGA GTTCTTGATT 360  
 GGCaCAGTCA ATGACTTAAC ATCTTTTTCA CCTCGGATAC CaAAACTCAA ACCTGTTTGG 420  
 30 AAAATCCCTG AATCAGGAAT GTTTGTATTC ACATAGCCTC TTAAAATACC TGCAACTTTT 480  
 GGTAATTTAA CAACTGTTCT AAAATTAACC ATTTCTTTTT TCAATGTTTG CATCACTTGT 540  
 35 TGCTGACGTC GCACGCGTCC GAAGTCACCT TCAGGGTCGT GACGGAATCT TGCATAACCA 600  
 AGTAATTCTT TACCATTCAA CCTATGGTTA CCCTTTTTCA AAGATACACC AATATTTTTC 660  
 GACATATCTT TTTCGACATT AATTGGTACA CCTTCAGGCA TTAATTCATC AATCATTTTC 720  
 40 TCAAATCCAG TAAAATCAAC TACTGCATAA TATTCAGGAT TAATTCCTAA ATTTTATCA 780  
 AGTGTTTTTC TAAGTAGCTC TGGACCACCT AAAGCGTATG CTGAATTAAT TTTGTGTTTT 840  
 CCATATCCTG GAATATCTGC ATAAATATCA CGCATGACAG ACATCATTTT CATCTTTTTA 900  
 45 TTGATAAAGT CATATTGAAC AACCATGATA GAATCTGTTC TTGATTGTCC ACCTGTGCT 960  
 TTATCTGCAC CGAGTACAAG AATAGAAATT nTACCATCAT TTTTACTGG TCCATTAAAT 1020  
 TGATGTACTT TAACATCTTT CGCATGTTTC TTGGCATATT CTACACCGCT ATTGTAECTA 1080  
 50 TGTACAATAT ATACAACTAA TGCCGATAAG TAAAATTACA ACAATCAGAA GAATGATAGG 1140  
 TAATT 1145

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 7075 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 263:

10	TATGGCTCAT CATTAATGCA CGTATCGGGT AGCGTTTACC ATTGATAAGT GCTTCATGTT	60
	TAGCACGAGT TCTTAAAATT CCATCGCCAT AACCGATATC AACTACAGCT AATTTTGTAT	120
	TGTTTTTAGT CACTTCAAAG GCAAAGCTAT AACCGCAATA ATCACCAGCT TGTACTTCGC	180
15	GCACTTGAAT AACATGTGCT TTTAAAGTTA ATGACTGAAC TATATCATGT TGATTTCAGTG	240
	AACTATATGG TCTTGAACCG TATAACGCAA TACCTACACG CGCATGTGTA TGGTGGGGTA	300
20	GTAATAYyyg TCCTTCCCGA TAAAAACTCG CACTATTTTG AGCATGGATT AGGTCGAACT	360
	GATAACCTTC AGATAAAAGT GCTTCAACAA TTTCCATCCA TTGTGAACGT TCAACATTAT	420
	AAtCTGACAC ATCGAATTCA TCAGCATATC CAAAATGGGk CCATAAACCA CTAATAATCA	480
25	TTTTTGCATT TTGATTATGA TGGTGATCTT TCAATACTTC TTTAATTTCG TTTAAATCTT	540
	TAAATCCAGA CCGATGTAAT AAATTTTCAA ATTCTAAGTG AACATGAATA CCAGCTAAAT	600
	CATTTTTATG GTTATAGTAA TATGTCAACG ACGGCAAAGT CATGTGTATT TGATGTTTAC	660
30	GGACTAAATC AAACCTCGTAA ACTGCATTCA TTA AAAAGAT TGTTCATCT GGAGCAAGTT	720
	GTCTAATTTG AATTGCTTCT CGTAGTGATG TTGTGCTAAA TGTATCTATA CCTGCATGGA	780
	TAAACTGAGT TACAGCAAAT TCTAGGTCAT AGTGATATGC ATTaTTTTTA ACAACTGCCA	840
35	TTAATGGCTG ATTGTTTTTG ACTGTGATTG CATTTTGTA AATATTTTC TTATTTACAG	900
	ACCATGTTGC TGTCAATGTA TTACACCTCT TTGTAATTAT TTAATAAATT TTCGTAAAAA	960
40	TTAACCACGT TTATTAACAC TTTTTCATCA AAATTTAAAT GTGATGTGTG CAAACCAGTT	1020
	ACAAAACCTT TATCTTCATT TCGTGTTCCT ATAAAAACAA AGTAAGCTGG AGCTAGTTGT	1080
	TGACCATAAA AACTAAAATC TTCCCCAAAT AAGAATGGCG TTGGTTTGTC ATAGACATTT	1140
45	AAATCAGCTT TTATTAAGGC GTCCTCTATT TGAGTACGTA ATTTCCGACT ATTGATTGTA	1200
	GGGGGATAAC CTTCTGCAAA TTTAACTTCA CAATCTACAT TAAACAGAAG CTTGACACTT	1260
	TCTGCTATCT TGTGCATTTG ATTTTAAACG ATTGTTAAAT CATCAATATC ATATGTACGA	1320
50	ATAGTACCTT CTAAATAGCC ATTA CTGGT ACAGTGTTAA TCGCTTCACC AGCTTTAAAA	1380
	TGACCAATAT GAACAATATT TCGTTTCAAA CCGTTAAGGT GAAATTGTTG AATTTGTGAT	1440



	ACATGACTTG ACAGGCCTGT TAAGAAAAAG CGATACTCTG TTGCGCTGGC CGTAATTTCT	1560
	TCATCTCTTA TCACTGCAAT GCCTTCATCA GCAAATGGGT TAACATGAAT ACCAAATACC	1620
5	GCTTCAATTG GATACTTATC AAAGGCACCG GCTTTTATTA ATCGATTTGC ACCGCCACCA	1680
	GTTTCTTCTG CAGGTTGGAA AATGAAAACG ACATTTTGCG GTAATTGACC TGCATCTTGC	1740
10	ATGTCTTTGC AACGTTGTAC AAAAAGCATT AATGCAGTTG TATGACCATC ATGTCCACAA	1800
	GCATGCATCA CATGATCAGA TTGACTGCGA TAAGGCACAT CATTTCCTC TAAAATAGGT	1860
	AACGCATCAA TATCAGCTCT ATACGCTATC GTATGTGAGC CATTACCTTC TAAGTATGCA	1920
15	ATGACGCCAG TTTCCAATGG GCAATCGTAT TTAATATTTA AACTATCTAA AAACGCTTTA	1980
	ATATAAGCAG TTGTTTCAA TTCATGTAAG CTTAATTCAG GATGTTGATG TAAATGACGG	2040
	CGATGTTTCG TAACAAATTC TAATTCATTC ATAATTATCA ATCCTTTGTG TTAAATTACT	2100
20	ATATAAATAG TGTAACGtAT TTCGAAATTT GTGATCATAA GTTTATTCAA TGCTAAACAA	2160
	TAAGGTTGAG ACATAATCGT ATCTCAACCT TGAAATTATT ATACGTTGAC GTCACTAGTC	2220
	ATTCAGTTTT CTTAATGCTG CTACAATCTC TTTTTTAGTA TCTTGTACTT CAGAAGCTTG	2280
25	CTTAATCACT TTTGCAGGTG TACCAGCAAC AACTGCACCA GCTGGTACAT CTTGTGTCAC	2340
	AATCGCGCCA GCTGcAACAA TAGCACCTTT ACCAACACGT ACACCTTCTA AAATAACTGC	2400
30	ATTTGCACCG ATTAATACAT CATCCTCGAT TATAACCGGT GAAGCACTAG GGGGTTCAAT	2460
	CACACCTGCT AATACTGCGC CAGCCCcTAC ATGTACATTT TTACCAGTTG TAGCACGACC	2520
	ACCGAGAGTA GCATTCATAT CAATCATTGT ACCTTCGCCA ACGACTGCGC CAATATTAAT	2580
35	TGTGCGCCC ATCATAACGA CAGCACCATC TTCAATAATG GCTTGTTCTC TAATAAACGC	2640
	ACCTGGTTCA ATTCGTGCAT TCGTATTTGT TAAGTCTTTT AATGGAATAG CAGAATTGCG	2700
	ACGAfCCATT TCAATTTCTA TATCTTCGAA TTGACTACCA TATGCTTCGT AAAAAGGTTT	2760
40	CCAATCATCC GCTTCACAAA AGATTACTTT AGATTGTTCT GAACCAAATA CTTTAAAACT	2820
	TTCTGGATAT GTGATGCCTT CAAAATTACC ATTTAAATAT ACTTTTATTG GTGTAGACTT	2880
	TTTAGCATCA CTTATATATT GAATAATTC TTCAGCTGTT AAATGTTGTA CCATAAAATA	2940
45	ATCGATCTCC TTTAATATGT TTATAAGTTG TCAAACGTAT AAAAGCCGTT TGGTTTATTA	3000
	ACTAAGCGTT CTGCTGCTTG TATTGCACCA TTCGCAAAAA TATCTTTTGA TTGTGCACGA	3060
50	TGCGTGATTT GAATCGTTTC ATCAGTGCCA GCAAATAGAA CTTCATGTTC ACCGACAATC	3120
	GTACCTCCAC GAATAGAATG TATACCAATA TCTTGTGGCT GGC GTTTTTTC ATTTAATTCA	3180
	TGTCTATCAT ACACAGGTGT TACATTTTCT TTCAAAGATA CGATCACATC ATACAATTTT	3240

55

	TCGAAATCAT CAAGTAGGGG AACAGCAGCT GCTAAAATTT TAGTCAATGC ATGAACGCCA	3360
	TAACTCATGT TCGCGCTGAA AAACACAGGC ATATTTTGAC TCAATTCATC TAACTTATTA	3420
5	AGTAGTTTTT CTTTCTCGnC CAGTgTTGCC ACAACTAATG GCAAATGAAA ATCTTCATCT	3480
	AATAAAGGGA AAAGCAGATT TGGATTTGAA AAATCTATTG CAACATCGGC ACCTTTAACA	3540
10	TCTGCAATAT GTTGATATTG TTGATATGGC GTTGTTGCTT TCGGTGTATT TTCAATGACC	3600
	CCAACGATTT CATGTCCTTT TTCTTCTGCT AATCTAGCAA CGCGTTGATT CATTGCGCCA	3660
	TAGCCAATTA GTAATATTTT CACTCATTTT CACCCGCTTT AAATGTGTCA TATGTTTCAC	3720
15	GAAGCACTTT AGTATCTGTA TCTTCTAGGC TAACCAATGG TAGACGTAAT TCATAATTTT	3780
	CAAATCCTAA ATAACCTGTT AGAGCTTTAA TAGGAATTGG GTTAATATCA ACTGATAAAG	3840
	CTGATAACAG TGTGCCGATT GGTTTAAATT GATCTTGAAT ATCTAATCCA CTTTGTTGAG	3900
20	CATCGTATAA CGCTTGAAAT TCTTTAGGAA TGACATTGGC AATAACAGAG ATAACCCCTT	3960
	GACCGCCACG TTGATAGTAT TCGACGACGT TGTCATCATT GCCACTATAT AATGCAAATG	4020
	AATTTGTATC AATGCGCTTT TTCACTTCTT CTAAATACTC AAAATCATTC GTAGCATCTT	4080
25	TTAAAGCAAC TATATAAGGA TGTTGACTTA ATATTTCTAC AGTTTCTGGT TCAATTGTCA	4140
	TGTTTCGTTCT TGAAGGAACA TTGTACAGCA CGACTGGTAA TTTCACAGCA TCTGCAATCG	4200
30	CTTCAAAGTG TTTGACTAAA CCACGTTGGT TCGTTTTGTT GTAGTAGGGC GTAATTAACA	4260
	TAATTGCATC AGCCCCTAAG GCTTTAGCTT GGATTGAAGC TTGGATTGAC TTTTCAGTAT	4320
	CATTAGTGCC AGTTCCTGCT ATGACAGGAA CACGTTTATC TACAAGATCA ATAACGTGTT	4380
35	TTAGAATGCG TTCTTTTTCA TCTGTTGTTA AAGTAGGGCT CTCAGCAGTA GTTCCATTAA	4440
	CGATGATTGC TTGGGCATTA TTTTCTAGTA AAAAATTAAC GTGTGTTTTT AAAGCTTCAA	4500
	TATTAACCTT GTTATTTGTA AAAGGGGTTG TAAGTGCaAC SCCAACACCC TCAAATAAAT	4560
40	GTGTCATTTT AATTCGCTCC TTTTAAACGC ATAACCTGTT CCAATACTTG TACAGCATTT	4620
	AATGCAGCAC CTTTTAATAA ATTGTCTGAT GTACACCATA CATGGAAAGT ATTTTCTAAT	4680
45	GAATCATCTC TACGTATACG GCCAACAAAC ACTTCATCTT TATTAGTAGA ATTGATTGCC	4740
	ATTGGATATT CATGTCTCTC TGGATTGTCT ACTAAAACAA CGCGGTCATC TTGATCAAAT	4800
	AACGCTTTAA TATCTTCTGC TGTTGTTTCT TTGTCAAGCG TTACATCAAT TTCAACACTA	4860
50	TGACTATCTT GAACAGGCAC ACGTGCGCAT GTTGCTGTTA CTTTTAAGTC TGGCGCATTT	4920
	AAAATTTTTC TCGTCTCATC AATCATTTTT TGTCTTCTT TTGTATATCC GTTTTCTAAA	4980
55	AACACATCAA TATGCGGTAA CACATTATTA TAAATTGGAT GTGGATATGC TTCTGGTGCT	5040

	TGATATGTTG	TATATGCCAC	TCGTTTTAAA	CCATAAGCAT	CTTGCAATAC	TTTTAGAGGT	5160
	ACAACAGATT	GAATCGTAGA	GCAGTTTGGA	TTGGCAATGA	TACCTCTTGT	AAATGTAGGT	5220
5	TCATTGACTT	CCGGAACGAT	TAAATCAATA	TCTTCTGCCA	TACGCCATTG	ACTTGAATTG	5280
	TCTATAACGA	TTGCACCAGC	TTTTTCAAAA	AGTGGGGCAA	AGTGTTGCT	TGTACCGCCA	5340
	CCAGCACTCA	TTAATACATA	ATCGAAATGT	TCACTTGCAC	GAGCATCAGT	TAATTCTTGA	5400
10	ACTGTATATG	TTTTTCCTTG	AAATTCAACT	TCTTGCCCTG	CAGAACGTGC	TGATGAAAAT	5460
	AATACTAATT	CATCGAAAGG	AATATTTTTA	CGATTTAATG	TCTCCAACAT	TTTTGTACCT	5520
15	ACTAATCCTG	TTGCACCCAC	AACTGCTAAC	TTTGTCTATA	CTTGTCCTC	CATTTTATAA	5580
	TAATTTCCaA	TTTTTAGAAT	ATTTTAACAA	TCATTTTACC	ATTAAATGTT	AAATGCGTCA	5640
	TATAGTTTTT	CTACCGCTTG	TTGCCCATTA	AAATCATCAA	TGACGTATGA	AATACTTATT	5700
20	TCAGATGTTG	TTGTTTGGA	GAAAGGTATA	TTATTTTCAA	TTAATGTCAA	AAATGCTTTT	5760
	GATGCCACAC	CTGACATATC	ACGCATGCCT	GAGCCAATTA	ATGAAATTTT	GACATAATGC	5820
	TCATTGATTT	TATAAGCTAA	TGCTTCATAT	TGATTCTTTA	ATGTTTCAAG	AATCATAGAA	5880
25	ATTTGATGAA	AATCACTATC	TTAATCGTG	AAGGATAGTT	GTAGCCCATC	CAAGTTGACG	5940
	ATTTGTGAAA	TCATATCAAC	ATTTACAGCA	CCTTCTTCAA	GTTCCGTAAA	TAGTTGGGTA	6000
	AGTAGCTGAT	TGTCAGGTAG	GGGATAACTA	ATTGTTACAT	GCATCATATG	TTTATCCAAA	6060
30	GCCACACCAG	TAACTGCTTT	TTTCTCTAAT	ATTTCTTCAT	TTGACATAAT	CCATGTTCTT	6120
	TTACGTTTCG	ATAAAGTTTT	TCCTAAATAT	AAAGGGATAT	TATAGTTTTT	AGCTAATTCA	6180
35	ACACTTCTTG	TTTCAAGTAC	ACCAGCACCT	AAAGCGCTCA	TTTCCATCAT	TTCTTCATAT	6240
	GAGACGATGT	CTAGTCGTTT	AGCCTTTGGT	AAAAGTCTTG	GGTCAGTGGC	ATACACACCA	6300
	TCAACGTCGG	TATAAATTTT	ACAAGGTATT	TGATTACTAA	CAGCAAGTGC	CACAGCGGTC	6360
40	GTATCAGAAC	CACCTCTGCC	TAAAGTTGTT	AATTCCTGAT	GTTCAATTGAT	GCCTTGAAAT	6420
	CCAGCAACTA	CTAAAATATC	GTTTTCTTGA	AAGGCTTGTT	CAAATGTTTG	AGGATTAATT	6480
	TGAGCAATTT	TACTTTTTAA	ATGATGGCCA	ATGGTTTTAA	TACCCGCTTG	ATAGCCAGTC	6540
45	ATTGCTTTGG	CATTCATACC	GATATCATTT	AATACCATTG	ATAAATAAGA	TACAGTTTGT	6600
	TGCTCTCCGG	TTGTCAATAA	TAATGCCAGT	TCTTGTTGTT	TTGGTGCTTT	AGTCAAGGTT	6660
	GATACATTCG	TCATTAATTG	ATCTGTTGTG	TTACCCATAG	CACTTACAAC	GACAATTAAa	6720
50	TTGTTTCTCT	TGATTGACTC	GCTCCTTTAA	CATTTTCTCG	ATCCTTTTTA	TTTTTGTAaa	6780
	ATCACTGACG	GATGATCCGC	CAAATTTCAA	CACACTTCTT	GTTACCATAT	AATCCTCCTA	6840
55							

TAATCTATAT ACAAGTGATG CACTCCATTA TTTTAAATA ATGACAACT CTCAGCTCTT 6960  
 AACCAAAAAG TCCAACAAAT TATAACTGCT ATTATAATTG CTTCGGCATC GCACCCTTTC 7020  
 5 AAATTTAGCT GTTAGCAGAC AGTAATCTAA ACTTTACTCA TGATTGATGC GCCTC 7075

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 264:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5171 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 264:

AGACGTA CTT TGTGATTmCG AAGyrCGTAC TGmAGCACTT GTCGACGTTG ATGTACTTGT 60  
 20 TGAACCTGAT TGACTAGTAC TTTGTGATAA TGACTTACTA TCAGAATCAG ATGTACTTTG 120  
 TGAATCACTT AATGATTCTG ATGTACTACC TGACTGAGAC GTGCTCATTG AACTACTTAC 180  
 GGACATTGAT TTA CTGTCTG ATGCAGATAA TGACCCACTT GTACTGATAG AGTCACTTAC 240  
 25 TATCTCTGAA GTACTCATCG AGTCTGATGT ACTTGTTGAG ACAC TTTGTG ATGCTGCTAT 300  
 GCTTAGTGAT CCAGAAACAG AACCACTTGT GCTCGTCGAA TCGCTCAATG ATTCTGATGT 360  
 ACTCATCGAT TTTGAATCAC TTGTACTTAA TGATATTGAT GTACTTTGTG AATCTGATTT 420  
 30 GCTTGTTGAC GCACTTTGAG AGTTGGCTAT GCTATTTGAA ATACTGATAG AGTCCGAGGT 480  
 GCTAGCTGAC TCGCTCAATG ATGTTGATGT ACTAATTGCA TTCGATGTAC TGTCACTTAA 540  
 35 TGATGCTGAT GTACTAGACG ACCCTGATAT ACTCGTTGAT AAGCTTTGTG ACTTAGACAA 600  
 GCTTCCTGAT GTACTCATAC TTAATGAGTC ACTGAGTGAT GTTGATGTAC GCAATGAATC 660  
 AGATSTACTT GTTGATAGAC TTTCGGATTT TTCAGTACTG CTAGAGTTTG AAATAGAATC 720  
 40 GCTTAATGAT GTTGATTTAC TAGCTGAATC CGACATGCTT GATGATACAC TTTGTGAATT 780  
 CACTAAACTT GTGCTTGTTG AGCTTGATAC ACTATTACTT TCAGATGTGC TTAATGACTT 840  
 AGATGCACTC ACAGAATCAG ATAGGCTTAC ACTTGTCGAT TTCGAGGTAC TAGCTGATGT 900  
 45 AGATACCACA ATCGATCCTG ATGTACTCGT TGATGCACTT TGTGAGTCAG CTTTACTTGT 960  
 TGACACACTT TGAGATTGTT GTGTACTTCC TGATGTTGAT ACGGAATCAC TCATGCTATT 1020  
 50 TCTTGTTACT TCATATTTAA AAGTTGTCGT CGTTTTGTTA CCGCTCGCAT CTGTAGAAAC 1080  
 GATTGATATA GTACTTGTAC CAATGTTTGT TGGTGTACCA CTAATAGTAT TATTTGTACT 1140

ATCAAATGTT AGTCCGGATG GCAATCCAGT CACTGTATTC GTCACCGCAT TTCCACTGTT 1200

	ATTGGTGTCA CTGTTGGTGC TGTCGTATCC ACAACATTTA TTGTAAAAGT TGTCGTGCGAT	1320
	TTGTTATTTG CTTGGTCAGT AGACACAACCT GTCAGTGTG ATTGACCAAT TTTTGTGGT	1380
5	GTCCCAATGA TTGAATTCGT TGCAGTATCG TAACTTAATC CGCTTGGTAA TCCTGTAACT	1440
	GTATTTGTCA CAGTCCCAGT ACCATTATCC GTTGTAGTCA ATACAATAGG ATTCATTGTT	1500
10	TTACCCACTT CTATGGTTTG ATTGCCTACA GTTACAGTTG GTGCTTTTAC ATCAGTAAAA	1560
	TAATATGTCA CTGATTGTCC AGCATTTCGT ATTTTTACAG TTTTATTTGT ATCATTATAA	1620
	GTTGACGCAT ATGAACTATC GACGGACGTG TAGTTATATC CTTTAGCAGT CAATGCAGAT	1680
15	TGCTGaTTAT CGATTGTCAC GACTTGATCA ACATTTCTTG AATATGTTTT TGGTGGATA	1740
	ATATCTTTAC CTGTTGTTAC ATCAACGTAT CTCAGTTGTG TAnCAGCAGA CTCTGTATAT	1800
	TCGAATGTTT CAAATTGTAC TTGTTGTAAA TTGTGCGCGC CACCTGTTGA GGCTGTCATT	1860
20	GATAATGAAA AGTTGGTCGT ACCACTTTTC GCAATCCAAT CTGAAATATT ACGTGTCCAT	1920
	GTTTGACCTG CATATTTGAC AGTCATAACC TTTGTATCAC CATTATAGTT AATATCAAAA	1980
	TCTTGGAACG TGTTATTTGT AGGTTGaACA TTAACTTCG CAGCATTATC AGCTGTTGAA	2040
25	CTTGATGTAT ACGTTGTCGC AACACCATAA CTATCTGTTG TTACAAATGC ACCAAACGCA	2100
	CCTCCACCAG CTACATTAGA TGGGTCAGCA TTCGCCTTTG CAGCTGAATT TGGTTTAGAT	2160
	GTATTGTGAT ACGTATCCAA TTTGAAGCCA AATGCGTTAC TTAAGCCACC AATACCTACT	2220
30	GCGGCACCGT TTAACCCTGT TTCACCTAAT ACACCTGGTG AAAAGGCAAA ACCGATACCA	2280
	TCTCCACCAT TTCCATGCCC TTCATATTTG TTACCTAAAT TTAATTTTCC AGAAAAATGA	2340
35	AAACTCTTAT TAGAGTCAAT ACGTGTTTCT AATGTAATAG CACCTTTTTG GCTGTATGCA	2400
	TCCTGTGTTA ACGTCACAAT ACCGGTACTT TGATCATAGG TAGCATTACC TGACGTTGTC	2460
	ATATATTGTT TTAAGTTATC TTTATTAACT GTAATTGTAT TAGCAGTTAC TGCGGTTGTC	2520
40	GTCgCTGctG ACGCAAATGT TGACATAGCT AAGCGACTGA AAGTTCGAAG TTTTACTGGT	2580
	GCGGTGCTAG TTGACGTTGT GCTAGTTTTG TTTAAGTTGA CCGAAGATGG CGTTGTGCTT	2640
	TGTGAAGTGT TATTTGATGC AGTACTTTGA TTTGTTGATG TATTAATTGG TTGTTCTGTA	2700
45	CTTGAAGTTG AAGCTACAGA TTTAGTATCA GAACTTGATG TAGTATTCTT TGAGGATGTT	2760
	GATTCTGATG TAGATGTCAA TTTCTCTTGT TGATTGCTTG TACTATTAGT TGTCGAAGTG	2820
50	ACCTTTTCAG ACTTTTCACT TGAGACTGTG TCACTATTTG ATGTTTGTAC CGAACTACTA	2880
	TTTtTCGTTA CACTTGTTGA ATCGGCTGTT GATGTTGATG CTTGATTGT CGTTGAGTTT	2940
	TGATTACCTA CTGTTTCACT TTGTGTGTTT AATTCAGAAG TTAATGGTGC ATCAGAAGCC	3000
55		



	GTTCAGTC CGTATCCCGT CATTTTTTTA CTAATGCTTT GATTATCTTG ACTCACTAAA	3120
	CTATGACTAA TAAATGGTAG CCCATAATT TTGAACATTT CTATTTCTTT AATTCCGGAT	3180
5	TTTACCCAAT TTTTCCAGA TTTATAAAGT CTTACTCTTG TTTTTCGTT TGCTAAGCTG	3240
	TCATGAAATG CTTTCTGTCT TTTACTCATG TAATAACTCC TTGTATTATC TTTACATTCA	3300
10	TTAGATTATA ATATATGCCA CTATTCAATT TAATACAACT CTTTTTTGAT AAAAAATAC	3360
	TCATTTTGTT AAAATTTGTA AAAATTCaTT TTTATTCGTC TAAATGTAAT CGTTTTTCATA	3420
	TTTTTAAAT TACTTTTCT CGTTTATGCG TATAATCTTT TTTATATAA ATTTGGCTAA	3480
15	TTGGCTTTAT GTTTAATCAT TATAATTGTT TCGTTTTTAA AATAATTATT GTATTAATAT	3540
	ATCTATACCA TCCACCTTTT ATTTATAAAT AGTTAATTTA CAACTAAACG ATAAATATTA	3600
	TATGCAAAAT ACATCTTTAA TATTAAAGTA ATACCAATAT TTTTCAATA AACCTAGTGT	3660
20	AATATATGTG TAATTCTAAA AGATTCTTCT TTAAAAATAT AAATACCACG ACATATTGCT	3720
	TTAACATTTT CATTTATAAA GCGAAAAAAT GCATCGCTAC TAAGTTGAAT GTTTAGTAAG	3780
	GATGCATTGA ATTCACTAAA ATGATTAAAT TACTTATATC TTTTCATCTG ATTGATTATC	3840
25	GAAATTTCTT CCTTCTAAAC CTGCTAACTC TTCCTTAGAA GCTGCAGGTG CTTTCATTTT	3900
	AAATATCTCA TTCACTACTG TGTAATCGTA ATATCCTAAT CTGGCAATAG GTTTAATCGA	3960
30	CTTAATGTCC AATTTACCAT TATCAAGAAT AACCTTATCG TCAATATGAA CTTGGGCAAC	4020
	TCTTCCTATA ACAATATCTA CGGTAGATAC TGGATCTCCA GTTGAATAC GAATCGTTTG	4080
	AACGTA CTCA CATTCAAAAT GAACTGGCGA TTCTTTTACA CGATATCCTG GAGCTTCTAT	4140
35	ACATTTTTC TTTGTTACAC CTGCAAAATT AAATTCATCC TCTTCTGGTG GCAATGCTTT	4200
	CGATGATAAA TTAAGTCTT CTCTTAAATC ATACGTTGCC ATATTCCACA CAAACCAACC	4260
	TGTCTCTTCA GCATTTTTC CTGTATCTTT ACGTTCGTGA TCACCAAGAA CGGATTGATT	4320
40	TGCTGCGAAC ATAACCATAG GCGGATCCCA AGTTAAGTTT TGATACTGAC TATAAGGCGC	4380
	TAAATTATCT TTCCCATCTT TCGATACAGT AGAGATCCAC CCTATTGGAC GTGGTACTGT	4440
	ACTACTTTTA AATGGGTCGT GCGGTAAACC ATGACTTCTT ACACCTTGTT TTGGCGAATA	4500
45	ATTCATACTA TCTTCACCCC TTATAAGTAA TTACATTTAA GGTTACGCCC TCTTTACATA	4560
	AGCGTCTAAT ATAAATAAAC AATTTATTTA TAAGTAGAAA CTATATATGA CGTGGTTGCT	4620
50	TATAATTTGC GTTCTTGATT CGAAAAATTC AGATAAGGAT TTATACAATT AATATTTATG	4680
	ATATCTTTTG TAAATTTAAT TAATTATAGT TACTTCAATC ATGATTAGTT TATAATAATA	4740
	AAGTGAAATT GAAAAAGACA GCTATTATGC GATGAGCGAA AAACCTCAAG TAAAACAAGA	4800

55

TAAGTTCAAA AAAGAATTCA AACCTGTTAT GCACTTAAAA GGTGATGCAT TCAATCAACA 4920  
 GTTACAATCT TTGATTAACA AATATCCACA AATACAAAAA AATATGAAAT CAGAGTTCAT 4980  
 5 TGCTTATTAT GATAAAGAAA AAAATAGAGA AACAGTAAAA AACTATGCTT GGAACCTTCA 5040  
 AAAATCTATA AATGACATTA TGCAATCATA TCCTAGCACA AAATTTGTAC AGTTTTATAA 5100  
 AAGATGATGT TTCCCCGTCA ATGGTAGATG GAAATGGCCG TTTAAATCG GGATACTAAT 5160  
 10 GTATTTCCAT C 5171

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 265:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3589 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 265:

CTACACACTA AACCTATTTT AGTTATGGGT GGTACAGTGA TTCTCTTTTC ATTTTAAATA 60  
 25 GGTATTTGGA TTGGTCATCC TATTGAAACA GAAATCAAAC CACTTATTAT TGGTGCGATT 120  
 ATTATGTACG TACTTGGGCT TGTAGATGAT ATCTACGATT TGAAACCGTA TATAAAATTG 180  
 GCTGGTCAAA TTGCCGCTGC CTTAGTAGTT GCTTTTTATG GTGTGACTAT TGATTTTATT 240  
 30 TCGTTGCCAA TGGGTACAAC GATTCATTTT GGATTTCTTA GTATTCCAAT TACTGTGATT 300  
 TGGATTGTTG CTATTACAAA TGCAATTAAC TTAATTGATG GACTCGATGG TTTGGCGTCG 360  
 35 GGTGTTTCKG CAATCGGACT CATTACAATA GGGTTCATTG CAATTTTACA AGCTAATATT 420  
 TTCATAACGA TGATTTGTTG TGTTTTATTA GGCTCTTTAA TTGGGTTTTT ATTTTACAAT 480  
 TTCCATCCTG CCAAATATT TTTAGGTGAT AGTGGGGCTT TAATGATTGG ATTTATCATC 540  
 40 GGATTCCTTT CTTTACTCGG ATTCAAAAAT ATTACAATTA TTGCATTGTT CTTCCCAATT 600  
 GTTATCTTAG CAGTTCCATT CATTGATACT TTGTTGCAA TGATTCGACG TGTGAAAAAA 660  
 GGGCAGCATA TAATGCAAGC TGATAAATCG CATTGTCATC ATAAACTATT AGCTTTAGGC 720  
 45 TACACACATA GACAAACAGT ATTATTAATC TATTCAATCT CTATTTTATT TAGTCTTTTCG 780  
 AGCATTATTT TGTATGTATC GCCACCATTA GGTGTTGTAT TAATGTTTGT ATTAATCATA 840  
 TTTAGTATTG AATTAATTGT TGAATTTACA GGATTAATAG ATAACAATA CCGACCAATA 900  
 50 TTAAATTTAA TTAGTCGTAA GTCATCTCAT AAAGAGGAAT AGGGAATGAA AGCATAGCTG 960  
 TATGGGATAA TTTGTATTAT ATGGCTTTAC TCTTTACAAT TTTTTTGTAT TAAATTTCAA 1020

	ATTTACCGTC TTATGATAGT GCTTTTTATT TTTATTCAGT TGGTATATCG AAAGGTAAC	1140
	GCTTTGGAGT TTCTTCAGTC AAATCGAAAT TTCCTGCAGT CATTTGATTT AAAAAGTTAA	1200
5	TAAACGCTTC ATAGTCACTT TTAACGACAT CGATATAGTA GCTTACCTTA TCAGTGTAAG	1260
	TTTGGTTTCT TAACATAAAA TGAGTTGAAG CTAATTCATA TTCAAATTTA CCAGTTTGAT	1320
	CATAATTCAG TGTACTATA CATGGTACTG CTTCTCGTAG TTCGACACGC CCGATATCAT	1380
10	AAATGACGTC TCTAACAGCA CCGCTATAGG CGCGAATTAA ACCGCCACCA CCTAATTAA	1440
	TACCACCAA ATATCTTGTT ACTACGACAC ACGCATTATG aACATCGrGC TTTTTTaATA	1500
	TGTCTAACAT TGGGaCACCG GcAGTTCctG TCGGTTcACC ATCATCATTC GChTTTTGAA	1560
15	TATTCATTtC AGGTCCAATA GTATATGCAG AACAAATTATG AGTGGCATCT TTATGTTCTT	1620
	TTTTTATTGC AGCAATAAAT GCTTTaGCTT CATCTTCATT TTGAACAGGT TTGATATGAG	1680
20	CAATGAATCT TGATTACTA ATCACATTTT CAATAATGTG TTCTTTTTTA ACAGTAATGA	1740
	TATTTTGTGT CATAATAACT CCTTAATTCA TAAGCTTAAG ATTATTTAAT CTTCAATTATA	1800
	CACTGAAAAT GACATGACTA TAAATCGTTT GATTGCCATT TTCTTTTTAA CTGAAATATT	1860
25	GTATCATTGC TATGAGTATA TTTTAGGAGG ACGACTATGA AAATTGCTGT GATGACCGAT	1920
	TCTACAAGTT ATCTGTCGCA GGACTTAATC GATAAATATA ATATTcAAAT AGCGCCATTA	1980
	AGTGTGACTT TTGAAGATGG CAAGATTATA CCAGAAGAAA AAGTTCGTAC TAAAAAGCGT	2040
30	GCCATTCAAA CATTAGAAAA GAAAGTATTA GATATTGTAA AAGACTTTGA AGAAGTAACT	2100
	TTATTTGTCA TAAATGGAGA TCATTTGAA GATGGTCAAG CGTTATACAA AAAGTTACAA	2160
	GATGATTGTC CTTCAGCTTA TCAAGTAGCA TACTCTGAGT TTGGTCCAGT TGTGTCAGCA	2220
35	CATTTAGGTT CTGGTGGATT AGGTTTAGGC TATGTTGGCA GAAAAATAAG ATTAACATAA	2280
	TTATAAAATT TTAATAAAAG AGTCTATATT GTAATTGGAA ATTATCTCTC GTATACATGG	2340
40	CTTTAAATGT TCATCATTTG AAAGCCAAAA TGCTAAAGAT ATAAGAAAAT CATTATAATA	2400
	TTAGGCTCTT TTTTACGTTG AAATGAGGTT TTAAGCATTAA AACATTACGG GAAATTAATT	2460
	CATCCTCATA CTTCACTTAC TAATGAAAAA ATTAAAAAAG AAGTAACAGG TGTATCAAA	2520
45	CAAAATTCAA ACTATTATTG TGTTCATGT GAAAGTACAA ATCCAAAGCA TTTTATCAG	2580
	TATGATTCCT CAGTACATTC CAAGAAAATT GTATATTGCA GAAATTGTAT ATCACTGGGT	2640
	CGAATGGATA ATGTAACAAG ATATAAAATA ACAGAGAGTT CGCAAAGTTC ATCACAAGCA	2700
50	TATTATCATC TCTCATTTGA ATTGTCGGAA CAGCAGTCTT ATGCCTCAGA ACATATTGTT	2760
	CGAGCCATTA GAAAGAGACA AACGATTTTG TTATATGCCG TAACAGGTGC AGGTAAGACA	2820

55

TCACCACGTG TAGATGTTGT TGTAGAAATT AGTAAACGTA TTAAAGACGC ATTTCTTAAT 2940  
 GAAGATATAG ACATACTACA CCAGCAATCA AGACAACAAT TTGAAGGGCA TTTTGTTGTA 3000  
 5 TGCACAGTGC ATCAACTTTA CCGATTCAAA CAGCACTTTG ATACTATTTT TATTGATGAA 3060  
 GTCGATGCCT TTCCTTTATC AATGGATAAA AATTTACAAC AAGCATTGAA GTCATCTTCT 3120  
 AAAGTTGAAC ATGCAACAAT TTATATGACA GCAACACCAC CGAAACAAC TCTGTCAGAG 3180  
 10 ATTCCCCACG AAAATATAAT TAAATTGCCA GCTCGCTTTC ATAAAAATC ACTTCCAGTT 3240  
 CCTAAATATC GTTATTTCAA ACTTAATAAT AAGAAGATTC AGAAAATGTT ATACCGAATT 3300  
 15 TTACAAGATC AAATTAATAA TCAACGTTAT AACTGGTGT TTTTAAACAA TATAGAAACA 3360  
 ATGATTAAAA CATTTTCGGT TTATAAGCAG AAAATTACTA AATTAACATA CGTCCATAGC 3420  
 GAGGATGTTT TTCGCTTTGA AAAAGTTGAA CAATTAAGGA ATGGACATTT CGATGTCATT 3480  
 20 TTTACTACGA CAATATTAGA ACGTGGATTT ACAATGGCAA ATTTGGATGT TGTGTTATC 3540  
 GATGCACATC AATATACTCA AGAGGCTTTA ATACAAATTG CTGGACGTG 3589

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 266:

25 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1017 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

30

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 266:

35 TTTCCAAGAA GGcTTgAAAA AtGTTwCaAG TGGTGCGAmC CCAGTTGGTT TACGACAAGG 60  
 TATCGACAAA GCAGTTAAAG TTGCTGTTGA AGCGTTACAT GAAAATTCTC AAAAAGTTGA 120  
 AAATAAAAAT GAAATTGCCG AAGTAGGTGC GATTTCAGCA GCAGATGAAG AAATTGGACG 180  
 40 TTATATTTCT GAAGCTATGG AAAAAGTAGG TAACGATGGT GTCATTACAA TTGAAGAATC 240  
 AAATGGACTA AACACTGAAC TAGAAGTGGT TGAAGGTATG CAATTTGATC GTGGTTATCA 300  
 ATCACCGTAT ATGGTTACTG ATTCAGATAA AATGGTTGCT GAATTAGAAC GCCCATACAT 360  
 45 TTTAGTAACA GATAAGAAAA TCTCGTCTTT CCAAGATATC TTACCTTTAT TAGAACAAGT 420  
 GGTTCATCT AATCGTCCAA TCTTAATTGT AGCTGATGAA GTTGAAGGCG ATGCATTAAAC 480  
 AAATATCGTG CTAAACCGTA TCGTGGCAC ATTTACAGCT GTTGCAGTAA AAGCACCTGG 540  
 50 TTTTGGTGAT CGTAGAAAAG CGATGCTTGA AGATTAGCT ATTTTAACTG GTGCGCAAGT 600  
 GATTACTGAT GATTTAGGCT TAGATTTAAA AGATGCATCA ATTGATATGT TAGGTACTGC 660

55

CAGCATTGAT GCACGTGTTA GCCAATTGAA ATCTCAAATT GAAGAAACTG AATCTGACTT 780  
 TGATCGTGAA AAATTACAAG AGCGCTTAGC TAAATTAGCA GGTGGTGTG CAGTTATCAA 840  
 5 AgTAgtGTGCA GCAAGTGAAA CAGAGCTTAA AGAACGTAAA TTACGTATTG AAGATGCATT 900  
 AAATTCTACA CGTGCAGCAG TTGAAGAAGG TATTGTTGCA GGTGGTGGTA CTGCATTAGT 960  
 10 AAATGTTTAC CAAAAAGTAA GTGAAATTGA AGCTGAAGGT GACATTGAAA CAGGTGT 1017

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 267:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1409 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 267:

TTAATCCAGC GTTAACTGTA TTTGCATTTA TTATGATTAT TTCGATTCTT TTAGCGTATG 60  
 TATTTAAATG GCTTGGATTA GTGGATGATG TGTTATTAAT GGTCAATTATC ATTTCAACTA 120  
 25 TTTCTTAGG CGTAGTTGTT CCAACTTTAA AAGAAATGAA TATTATGAGA ACAACTATAG 180  
 GGCAATTTAT CCTATTAGTA GCAGTACTTG CGGACTTAGT AACTATGATT TTATTAACGG 240  
 TCTATGGCGC AATCAATGGT CAAGGCGGCA GTACAATATG GTTAATAGGT ATATTAGTTG 300  
 30 TTTTCACAGC AATTTTCATAT ATTTTAGGTG TTCAATTTAA AAGAATGTCA TTTTACAAA 360  
 AATTGATGGA TGGTACGACG CAAATCGGTA TTCGTGCGGT ATTTGCATTG ATAATATTAT 420  
 TAGTAGCCCT AGCAGAGGGA GTTGGCGCAG AAAATATATT AGGTGCATTC TTAGCAGGTG 480  
 35 TCGTTGTTTC ATTATTAAAT CCAGATGAAG AAATGGTTGA AAAGTTAGAC TCATTGTTGTT 540  
 ATGGGTTCTT TATTCCTATT TTCTTTATAA TGGnTGGTGT AGATTTAAC ATACCTTCAT 600  
 40 TAATTAAAGA ACCGAAATTA CTAATTATCA TACCGATTTT AATCGTnGCA TTTATCATTT 660  
 CAAAATTAAT TCCAGTCATG TTTATTCGAC GTTGGTTTGA TATGAAAACA ACGATTGCAT 720  
 CAGCATTTTT ATTAACATCA ACATTATCGC TCGTGATAGC TGCAGCCAAA ATTTAGAAA 780  
 45 GATTAAATGC TATTTTCAGCT GAAACGTCAG GTATATTAAT TTTAAGCGCA GTCATTACAT 840  
 GTGTATTCGT TCCGATTATT TTCAAAAAC TGTTTCCAGT TCCAGATGAG TTTAACCGTA 900  
 AAATTGAAGT TAGTTTAATT GGTAATAATC AATTAACGAT TCCTATAGCG CAAAATTTAA 960  
 50 CATCTCAGTT ATATGACGTG ACATTATATT ATCGCAAAGA CTTGAGTGAT CGTCGTCAAT 1020  
 TGTCAGATGA TATCAGGATG ATAGAAATTG CTGATTATGA ACAAGATGTT TTAGAACGAC 1080



AAGTTGCTAA ATTAGCCAAA GCACATCAAG TTGAGCGTGT CATTTCGAGA CTTGAAAGCA 1200  
 CAACGGACGA TACAGAGTTA GTTGATTCAG GTATTGAAAT TTTCAGTAGC TACTTAAGTA 1260  
 5 ATAAAATCTT ATTAAAAGGT TTAATTGAAA CACCTAACAT GTTGAATTTA TTAAGTAATG 1320  
 TTGAAACGTC ACTATATGAA ATTCAAATGT TAAATTATAA ATATGAAAAT ATTCAATTAC 1380  
 GTAATTTCCC ATTCGGAGGA GACATCATC 1409

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 268:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4702 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 15 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 268:

AAAGAGGGTT TTTTACTACT ATAATCCATC CTTTAATGGA ATTCCATTG TCCCTTTGGC 60  
 CCGTTCATAA CCATAGGAAA ATATATGCnG nAATCATTGA TAGTAAATAC ATCAATAATA 120  
 25 CGAATAATGT CGGTGAAATC ACGTCCGTAT TACCATTATT AGCTAAAACA TTTTCCAAGT 180  
 TTTCTTTTGA ACCGGATACT CATAAATGCT TTTAATGCnT GGTTTTGTCT GTCGCCATCT 240  
 TTAGAATTG TAATACTTTT TTAAATTCTT TAGCGAACAA CTCATTATCT TTATCGTTTT 300  
 30 TAGCCATTG ACGATTCAA TCGTTAGCTC TTACGCCTAA TGCTCGACCT GTCGCATGTA 360  
 GCTTATTCAC ATTATTGTCG ACTTGATTTA ATTGGCCACT AACAGAATCT GCAATTGATT 420  
 TTGATTCTTG TGTATCTGAT AGCAATTGCG TACTCTTTTC AGAAATTCTA CTAATTTCTT 480  
 35 TATCTAAATT TGAAGACATC GTATTAAATT CATCATTTTT GCCTTTATCA ATTTTGGTT 540  
 CTTGTGGCTC TTCAGCAAAA GTCTTTTAA CGTTTTCTAA CTGATCAATC AGCTTGGAAG 600  
 40 TATCTTCTT ATTTTTGTT gTATTCTTTT TGTTATTTAA AATGTCATCA ATCAGTTTGT 660  
 CTGAGTTTTT TTCCATTGAA TCAATTGAT GTAACACAGC TACTTTATCG TCTTTGAAAC 720  
 TTTCCATGTC ATTGATAACT TGGTCAACCA TCATATCAAT TAAACGTTT TGTGCGAATG 780  
 45 GTTTATCTTC tCTGCCTTTT GTATCTGTGT ACATTTTATA ATGCGCATCA AACCTAGATA 840  
 ATGCACTCAA TTGCTGGCTT AATGCATCTT TCGATAAGCG ACCATCaAGG TTATGATTCA 900  
 ATGTTACATC CACAACACTC GTTGCTTTCT TATCATTGTT TCACTCTGA CGATTGCTT 960  
 50 GTCCAAATAA CAATTGTAAA TGCATTGTTT TATCTTTTAA GAAATCTTTC TCAGCATCCT 1020  
 TTTTCAATTT AGCAACGCCA TTGACTTCAA CTTTATATTC CTTGTTAGAT GTATCGAGTT 1080

	TAAAATGAGG AtCTGTTGCA ACAGTTAATT GATTAATATC ATTACTTTTA ATCGTTTCAG	1200
	TACGTTGCAC TTTGACACCA TCATTAATCA AACTACTTGT GTCTTGCGCA ACTTGGTTAT	1260
5	CGTAATCTGT TAAATTAATG TGTTCTGCTA ACGGTTTTTT CAAATTATAT TCATTTTTAT	1320
	AACGTTTTGC TTCTTTGACA ATTGCTTCGT ATTTATTAGC TTCATCCTCA TTAAACCTG	1380
	CAGCTATAAA GTCTTGTTTA GACATGTTAT AGATAAATGT TGTATCTGTA TCAGGTTCTT	1440
10	TGACAATATC ATCATGAAGT TGTTTCTCTA AGTTTTCAGC GAATTGAGCA TTGTTCAATT	1500
	TAATGCTATT TAGCGCATCT TGTAAGTCTT TGTTATTTGC AAGCTCATCT TGCAGTGATT	1560
	CTGTAAATTG CTTACGATAn TCTTCAATCA TACCTTTTGA AAATGGTGAC TCTTGTGATT	1620
15	GAATGATTTT TCTTAATTTA TCTAAGTTTT CTTTAACAGT TTGTTTATAT TCTTCTTTAC	1680
	CTGTATCTTG CATACTTGAT TGTTGATCAA TTGGCTGTC CATCTGTTTT AATGCATTGA	1740
20	TATAGTTATC AAGTTCCACG CTATCTTTTT GCGATTTATA ATCTTGTAAC ATTTTATCCA	1800
	TCGCTGTATT GTGCTCGTCA AATAATGAAT TTTGTTTTTC AATTAAAGTC GAAACATTAT	1860
	AATCTGTGTT CACTCTGAAC GSTATCTGAAT TCGCACTCAA TAATGATTTA TTGTATGTTT	1920
25	GGAACCATTT TGTAATGTCT TTGTTTGCAG AAATTGAATT TACAAGCGTA TCTGTAAATA	1980
	ATTCGGGAA GTCGTTAATT GGATTTAATA AGTAATTCGA GAATTTACTA TTCACACCAT	2040
	GTTACGCGT CATAATAGCG CCAACATTTT TTTGTGCATT ATGTAAATTA TCAATGATGC	2100
30	TTGTAAATA AATTTGACT AAGTTTTTGT TAAAGTCGTT AAGTACATTA CTTACAACCTT	2160
	TTTCTGTGTT TTTAGCTACT TCTTCTTTTT GTCCTACAGC TGTTTTATAC TGTAGCGATA	2220
	TTTTCGATGG TGTTTTAGCG TCTAATTGCA TTGCCAATTT TGAAAAGTTT TCTGGGATAA	2280
35	CAATCATGAC TTGGTATCCA CCATTTTTCA AACCAGACTC AGCAACGTTT CTTGTTACTG	2340
	TTTCAAAATTT ATAGTTTTTC TCATTTGCTA ACCTTTTAAT AAATGCTTGA CCCAGCTCAA	2400
40	CTTTTTTACC GTTATATGTC GTTGGTTGAT CCTCGTTAAC AATTGCGATA TGTATTTTAT	2460
	TATTTTTATT ACTTACACTT TGGGATCCTT TTTCTGATTG ATCTCCATAT TTTGTTTGAA	2520
	CAAAAAATAT CATACTAACT ATGGCAATTA TAATAATTAA AGTGACAATT AATGCATAAA	2580
45	TCCAATTTTT CTTTTTCATG CTTATTTCTT TTCAGTTGTT TTCTTAAAAA AATGATAAGC	2640
	AAAGCCACAT TAGAAAATGT GACTTTGCCA ATTTCAGAAT GCTTATTGCA AACCGAAATT	2700
	ATTAGAAAGT TGTTGGTCTT GTTCTTGAAC GGCATCAGCA GTGCTATTCA ATTGTTGTTT	2760
50	AATTTCTTCT AATAATTGTG CAAATTTTTT TACTTTAGGA CTAAGTTGTT GGAATTGCTC	2820
	TTCGAAACGG CTGAAAGCTT GACCTTCCCA GTTCGCTGCA ATTTACCTt GTGCACGkGT	2880

55

	TCTGATTTC	TCTGGACTCA	TCTTAATCAT	TGCCATAACT	AGAAACCTCC	TGAATATTTT	3000
	AAGTTTATCa	AAACTTTTTTA	GGGACACTAT	TTTTTGAAAA	AGTGCTCCTT	ACTCAAATAA	3060
5	TATATAAATT	ATTAGTATAT	GTATATAGTt	TTTAAAGTAT	TTTtagCTTT	TTTAAAATAA	3120
	ATATATTGAA	TATAACCATA	TATTTTTTAAT	TAACCATTCA	TTTTTGTAAT	ATAAATGTGT	3180
	ATACTAAAAT	TAAATTAAAT	ACATAAAGGA	TTAAATGGTT	ATTATGAAGA	AAACAATTTT	3240
10	ACTGACGATG	ACAACTCTTA	CTTTATTTAG	TATGTCGCCT	AACTCGGCTC	AAGCATATAC	3300
	GAATGATAGC	AAACATTAG	AAGAAGCAAA	GAAAGCACAC	CCAAACGCAC	AGTTCAAAGT	3360
	GAATAAGAC	ACCGGCGCGT	ATACTTATAC	ATATGACAAA	AACAACACGC	CAAACAACAA	3420
15	TCATCAAAAC	CAGTCACGTA	CAAACGACAA	TCATCAACAC	GCAAATCAAC	GTGATCTTAA	3480
	CAACAATCAG	TACCATTCTT	CATTAAGTGG	TCAGTATACG	CACATTAATG	ACGCAATTGA	3540
20	TTCACACACA	CCGCCTCAAA	CGTCACCAAG	CAATCCTTTG	ACACCAGCAA	TACCGAATGT	3600
	CGAAGACAAT	GACGATGAAT	TAAATAACGC	TTTTTCAAAA	GATAACAAAG	GGCTTATTAC	3660
	AGGCATCGAT	TTAGACGAAT	TGTATGACGA	ATTACAAATC	GCCGAATTTA	ATGACAAAGC	3720
25	AAAGACCGCT	GACGGTAAAC	CTTTAGCATT	AGGTAACGGT	AAAATCATTG	ATCAGCCTCT	3780
	TATCACAAGT	AAGAACAAC	TATATACTGC	TGGACAATGT	ACATGGTATG	TCTTTGATAA	3840
	ACGTGCCAAA	GATGGACACA	CGATTAGTAC	ATTTTGGGGA	GATGCTAAAA	ACTGGGCAGG	3900
30	CCAAGCTTCA	AGCAATGGCT	TCAAAGTAGA	TAGACACCCA	ACACGAGGAT	CAATTTTACA	3960
	AACAGTAAAT	GGTCCATTTG	GTCATGTAGC	CTACGTTGrA	AAAGTTAATA	TTGATGGAAG	4020
	TATTCTAATT	TCAGAAATGA	ACTGGATTGG	TGAATATATC	GTTTCATCAA	GAACCATCTC	4080
35	TGCTTCAGAA	GTTTCATCAT	ATAATTACAT	CCATTAAATT	AATCATGACA	TCAATAAAAA	4140
	GCGAECAGTT	CGCAGTTTAC	AATTCGTAAC	ACTGCAAAAT	TGGTCGCTTT	ATTTTGTATG	4200
40	TTATTTCGATT	ATAAAATTAC	AAAGAAATGT	TCTCTACATT	CCCCATTAAT	CAAAATCGTT	4260
	TACGAAAGTA	TAATTGTAGC	TATAATAATC	CAAGTCGTAA	CAACTAGTGG	CACTATCGTC	4320
	TTGAATAAGA	ATATACCGTA	TTTTTTCTTG	CGATATATAT	CCAGTACTAG	CCAAATTAAA	4380
45	ATGATTATAA	CACCAACAAA	AATAAATACA	GGATTCATCG	ATATAGCATC	TGCCTGTAAC	4440
	TCAGGTTGCA	TTCTTAATTT	AGTGATAATT	AACATCACTA	CTGAAATAAT	GAAAAAGTAG	4500
	ATACCTCTTA	TCTTTGATGT	CTGTAAATCT	AATTCCTGCT	CTTCAATGAC	CTCTTTAGAT	4560
50	TCACCCAATT	CTTTTGCAAT	CAAATAATTT	ACTACCTTAG	GTTTCACCCA	TAAACACTTA	4620
	ATTGCAAAGT	ACATAAAAAT	ATATGATCCA	GTATCCATAA	ACATTAAAAA	GTGCTTAAA	4680

55

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 269:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2004 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 269:

5	ACAAAAAATT CACCCTCATT AATATTGAAA CTAATGTTAT CGACAGCAAC ATGTTTGCCA	60
10	TAACGCTTAG TTACATTTTT AAACCTAATC ACTTTGCCAC CTCITTTTTT CTCATAGCAT	120
15	AAAACCGAGA TTATATGTAT GTATTCCCTA TTAAACCACG TTTATTACAA TTTTCAAATT	180
20	TAAATGATTT ATCCTTGAAC TTTTTTAATA AAATAATGAA TAAWAGGWAA TCWCCAGTTA	240
25	AGAAATAGTG TTATTTTACC TTGAATTCAA AAAAACACCC AGTAAAACAA GGAATGCTTA	300
30	CTAGGTGTCT TCACTATACT TTGGCTTTAT AATTTTGAAT CGTTCTTAAA AATGCTGGAC	360
35	AATAATGTTT TAATTTGTAA CTACCTACGC CATCMATATT AATCATATCT TGTTCGAAG	420
40	CAGGCTTACG TTTAGCAAAT TCCTCCAACG TGTAATCAGA AAATATACTT ACAGGTGCTA	480
45	TCGTTAATTT GTCACCTAAC TTTTACGAA CTTCTACCAA CTGACTGAAT AATACTCGGT	540
50	CAACCCCTTC AACCGTATTT ATAAATACTT TTTCAGTCGC TTTTGTCTTA AATGGTGTG	600
55	TGAATACTTC TACTTCATTA CTGAGTAATT TTTTAATTGA AGTATCACAC ATTAATATTT	660
60	CGTCATTTTC ATTTAAGAAC CCTTTGAATC TTAATTCATC TATTAAGTGA CTTAATTCTG	720
65	ATGTTGTGTA ACCTTTCATT AAACCATGGG TTGAAATTTG GTCATAACCT TTATACTTAA	780
70	TATAATCTGK TGAATCTCCT CTTAACAATT GAATGATAAC ACTATAACTC TCITGTTGTT	840
75	TCATACGAGC GATGCAACTA ATAATCATCT TAGCTTCTTG TGTCATATTA TATGATTTAT	900
80	CTTGTTGAAC ACAATTACTA CATTGTTTAC ATTCTTCTAA TTTTTCATTC GGTTCAAAAT	960
85	AATGGACAAT TGTGCTTCT AGACATTTTT TTGTTTTTGT ATATTGAATC ATTTTAGTTA	1020
90	ACTTTTCGCC CATTTTATCT TTATAGTCAT CATCAGCTTG AGAGACTGTT ATAAAATACT	1080
95	CGTGTAATTT GATAACCGGT TCGCTAAATA ACAAATACA TTCACTTTTC AACCCGTCAC	1140
100	GACCTGCACG ACCCGCTTCT TGATAATAAG ATTCTAAATC TCCAGGCATA TTATAATGAA	1200
105	TAACAAAGCG TACATTGGAT TTATCAATAC CCATACCAAA AGCATTGTGA GCAACGACTA	1260
110	CTTTAACACG ATCAAATAAG AAATCATTCT GCGCTTCTTC TCTTTCTTTA TTGCTCAAAC	1320
115	CTGCATGATA TATAACAATT TCAATTTTCT GACTTTCTAA GGCTTCTTGA AGCTCTTCAA	1380

CCAATATAAA TTTTGTACGT TGATAAGTAG GATTTACTTT AAAAATTAAG TTTCTACGCT 1500  
 TAGTACTCGT TTTAATTTGA TCAGTTTGAG CGATATTTAA CTTTTCTCTA ATATCTTGCT 1560  
 5 GTACTTCAAC CGTGGCAGTT GCTGTCAACG CTATTATTGT AAAATCTTGA GGTAACGTAA 1620  
 ATACTTTTGA AATAACATTT TGGTAACTCG GCCTGAAATC ATGACCCCAT TTAGAAATAC 1680  
 AATGCGCTTC ATCAAACGCG ACTAAGTGAA TCTTTATACG CTGAAGCATA TTTAAAAAAT 1740  
 10 ATCGGTTTTTC AAATCGTTCT GGTGCAACAT AAAAAATTG AATTTCTCCA TTTGATAATG 1800  
 CTTTTTCAAT ACGTTGTTGC TCTTTTGTAG TCAAACACT ATTTAAAAAA GCAGCTTGAA 1860  
 TTCCCATCGC TTTTAATTGA TCCACTTGAT CTTTCATTAA TGATATTAGT GGACTTATTA 1920  
 15 CAATTGTTGT ACCACCTAAC MATAAACCTG GTACTTGTA GCMATAGAC YTACCTCCAC 1980  
 CAGTtGGkAA GrCACCAAGC ACAT 2004

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 270:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2244 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 270:

30 AAAGATTGCT TGCCTTGAGG GTTATATAT CTGACTCAAT TGCCACATTT TTATCAAGAG 60  
 TAGTTGATAA TACTCATCAT AATTATAGCT AATATTATAT TTTTTTAAAA GATAGTGTAT 120  
 GATTTTCTGG TGTTTGTGT ATACGTCATT AAATTTCAAG TAGTCATTCT CCAAGTTATA 180  
 35 CGTATAACAA ATATTTCCGG ATAAAGTTAG AATAAAATAT TTAGAAAAAT CATTCAATTG 240  
 CGTAATCGCT AAATTAAGTG TTAAATATAA GACATAAGTA ATTAATTTAA TGTGATATGA 300  
 TGTATTATTA CTTTGCTAAA TAGTAGATAG AACAAAATTT GTAATCGGGA GGTAACAATG 360  
 40 GATTACGCAC ATTTAAATTT AGAACATTTT TTTGCACGAA ACGACGATTT AGATGTTATA 420  
 AGAGATCGCG CTGATTTCTG GATGATAAAT AACTTCACTA ATGAAATGAT GTATCGTGAT 480  
 45 GGTCAAATTG AAGGCACGAT TGATTTAAAT CAGTACTATT ATAAAAATAG ATCAAATGCA 540  
 GCAAGTTTTA TTATGATGGA TTATAAAAAA GAACTAAGT AAACGAACAA AAGAATTTTT 600  
 TGTTTTTTAA TACGTGAATA ATAAGATTAT TGATATAAAG GTTTTCAAAG GTTATACAAA 660  
 50 AAGATAAAAC ATTTATGATT CGTAGATCAA CGTAAAGTAA TGTTGATAAA TGGTTTAAAA 720  
 CGTTTCATTT ACATTACTGT TTATTTATGA ATATGTAACA ATGCATAGAT AAAATTGTTA 780



ACCTAAGAGG TGTGGATATG AATAAACACA AGAAAGGTTT TATTTTGGGA ATAATAGGAC 900  
 TTGTTGTCAT ATTTGCTGTT GTCyCaTTTT TATTTTCTC AATGATATCC GATCAGATAT 960  
 5 TTTTCAAACA TGTTAAATCC GACATTAAGA TTGAAAAGTT AAATGTTACA TTAAACGATG 1020  
 CAGCAAAGAA ACAAATAAAT AATTATACGA GTCAACAGGT ATCAAATAAA AAGAATGATG 1080  
 CATGGAGAGA TGCATCTGCA ACTGAAATTA AAAGTGCAAT GGATAGCGGT ACTTTTATCG 1140  
 10 ATAATGAAAA GCAAAAATAT CAATTTTtag ATTTATCAAA GTATCAAGGG ATTGATAAAA 1200  
 ATAGAATTAA ACGTATGTTA GTAGATAGAC CAACGTTATT GAAACATACG GATGATTTCT 1260  
 TAAAAGCTGC TAAAGATAAG CACGTTAACG AAGTTTATTT AATTTACAT GCATTATTAG 1320  
 15 AAAGTGGCGC AGTTAAAAGT GAATTAGCTA ATGGAGTCGA AATTGATGGC AAAAAGTACT 1380  
 ACAATTTCTA TGGAGTAGGA GCCCTTGATA AAGACCCAAT TAAAACAGGT GCAGAATATG 1440  
 20 CTAAAAAGCA TGGTTGGGAT ACACCTGAAA AAGCTATTTT AGGCGGTGCT GATTTTCATTC 1500  
 ATAAGCACTT CTTATCAAGC ACAGATCAAA ATACATTGTA TAGTATGAGA TGAATCCAA 1560  
 AAAATCCAGG AGAACATCAA TATGCTACAG ATATTAAGTG GGCAGAAAGT AATGCAACAA 1620  
 25 TTATCGCTGA CTTTATAAG AACATGAAGA CTGAAGGAAA ATACTTCAA TACTTTGTGT 1680  
 ATAAAGATGA CAGTAAACAT TTGAATAAGT AATTGATAA GCTACGAGTT GTTTTATGA 1740  
 CTCGGACATA CTAAAAAGAC GCTTTCTATC TTGTTTGGAT AGAAAGCGTC TTTTGCATT 1800  
 30 AGAGAAAACA CATTGATkGA TAAtCCCaCC aATGCAAgTG GGGcAGGACa TCGATAAAGA 1860  
 ATTACTTTTT CTTTAGAAAT TAGTATTTCT TATGCATGAG TTTTACTCAT GTATTCCTAT 1920  
 TTTTAAGTAC ACATTAGTTA TAGCTAATGA TAAAGAACCA CTACATAATA AATCATTAGT 1980  
 35 GTTTTTTTAT CATTTCTGTC CCaCTCTCAT CGTGATTTGA AATTTTCAAT TGCGATTTTA 2040  
 ATTTcATCTC TTACACGTTG GAACTCTGAC CAAGGCTTGC CTGCAGGATC ATCAAATCCC 2100  
 40 CAATGTTCTT TCTTAACATT TGTTGGTAAA GAAGGGCAAT TTACGTCTGC ATCACTACAT 2160  
 AATGTAACAA CTAAATTIGA ATTTnTAATA ATATTATTAT CGGATTAAAA TCTGATGGAT 2220  
 GATTTGATAT ATCAATGCCT ACTT 2244

45 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 271:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1371 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

55

ATAAGCAATT TAATTTTGAG TCTACAATGG AGGAATTATC ATCTTTATCA GAGACTTGCC 60  
 AACTTGAAGT GTTGGGTCAA ATTACTCAA ACAGAGATCG TGTAGATCGC AAATATTATG 120  
 5 TTGGTAAAGG TAAAATTGAA GAAATTCAAG CATTATTGA GTTCAAAGAT ATTGATGTAG 180  
 TCATCACAAA TGATGAATTA ACGACTGCAC AATCCAAATC ACTAAATGAA GCTTTAGGTG 240  
 TAAAAATTAT TGATAGAACT CAGTTGATTC TTGAAATATT TGCATTAAGA GCAAGAAGTA 300  
 10 AAGAAGGTAA ATTGCAAGTA GAGCTAGCAC AACTTGATTA TTTATTACCT AGATTGCAAG 360  
 GCCATGGTAA AAGCCTTTCT CGTTTAGGTG GCGGTATTGG AACTAGAGGC CCTGGTGAAA 420  
 CGAAGTTAGA GATGGATCGC AGACATATTC GAACTCGTAT GAATGAAATT AAACATCAAT 480  
 15 TGCGGACGGT AGAAGAACAT CGCGAAAGAT ATCGAAATAA AAGAAATCAA AATCAGGTGT 540  
 TTCAAGTAGC TTTAGTTGGT TATACAAATG CTGGTAAATC ATCATGGTTT AATGTTTTAG 600  
 20 CAAATGAAGA GACGTATGAA AAAGATCAAT TATTTGCAAC GTTAGATCCT AAAACACGAC 660  
 AAATTCAAAT AAATGATGGA TTTAATTTAA TTATTTTACA TACTGTTGGT TTTATACAGA 720  
 AACTACCTAC GACGTTAATT GCAGCTTTTA AATCAACTTT AGAAGAGGCT AAAGGTGCAG 780  
 25 ATTTATTAGT ACATGTCGTA GATAGTAGCC ATCCTGAATA CCGTACGCAG TATGACACAG 840  
 TTAATGATTT AATCAAACAA TTAGATATGA GTCATATTTT TCAAATAGTT ATTTTTAATA 900  
 AAAAGGACTT ATGTGATCAT GCATCAAATC GTCCAGCAAG TGATTTGCCT AATGTTTTTG 960  
 30 TTTCTTCTAA AAATGATGGT GATAAATTAC TTGTTAAGAC GTTATTTATT GATGAAATCA 1020  
 AAAGGCAATT AACTTATTAT GATGAGACAA TTGCGACGAA TAATGCAGAT CGATTATATT 1080  
 TTCTAAAACA ACATACATTA GTGACTGAAC TTAAATATGA TGAAATTGAA AATGTTTATC 1140  
 35 GTATAAAAGG ATTTAAAAA TAATAAAAGG ACGAAATTCA AATGAAAGAT ATAAGTAAGA 1200  
 TAGTAGCTGA CGTCGAATCA ACGTTAGCAC CATATTTTAA AGAAATTGAA GAAACAGCAT 1260  
 40 ATATTAATCA AGAAAAAGTA TTAAATGCAT TTCATCATGT CAAAGCAACC GAAAGTGATC 1320  
 TACAAGGATC AACAGGATAC GGGTATGATG ACTTTGGACG TGATCATTTA G 1371

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 272:

45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 6035 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear  
 50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 272:

55

	CGTAAAcCTA	TGCGTTTTAA	TATTCTGAAG	TTACTTAGTT	CATCCTCAGT	TTCATCCATT	120
	TGTTTAATAT	AAATAATACA	TCCAGCTGCT	ACTAAAAATG	CTAATCCTAA	AAATGATGTA	180
5	ACAAATATTA	GAATACCGTT	AGTAGCATcG	ACCTCTTTTT	TCATTTTCATC	ATACGTGATG	240
	ACTTTGTCTC	CAAACGTGTT	TGCAATTGCT	TGAGCTTTTT	CCTTTTGTGA	TGTTTGTTTA	300
	ATATCATATC	CATAAAAAGT	ATGAACGTTA	TTTTGTGTTT	TCAACTGCTG	ATACTTTTCA	360
10	GGACTTACTT	CGATGACAGG	TGAGTTGAAG	CTTAGATTTA	AAGGATAAAC	CTTACCTTTG	420
	TCTTCTGTG	TAcACGGAAA	GTTTCATTCT	TAGTACCTTT	TACTACTAAA	TCTTTGTTTA	480
	AATGGATATT	AATAATGTTA	GGCAGCGATT	TTGTATTTGT	AATGATGGCA	TTGTTGCCTG	540
15	TtAACTTGTT	ATTGCACTT	AAAATAGAAT	TCGTGCGACC	TGAATCACTA	CCATTTTCCA	600
	AAGTAATAAC	CTGATCATTa	ACATTATCTA	CAGTAATAGT	TTCGTAAGCA	TTTTTAGAAA	660
20	ATGTAATTTG	TTGTTGGCTT	AGTTTAGTTT	CAAATTGTTT	AGCATCTTGA	GTAGCGACCA	720
	CGTTAAATTC	ATTGCGTGCC	ATAGATGTAA	GGGTTTGATC	TGTATTTGAT	TTAGATAATG	780
	CCGCAAAACA	CAATACAGTT	ACTGTAAGTG	CAGAAATAAT	TGCAATGATA	GTTAAAGACA	840
25	TGGCATTTTT	CTTCATTCTG	TACATAATAG	ACGATGTGAA	TACAACATCG	GTAATAGATA	900
	CGCGTCCATT	TTTTGATTTT	TTCAATGTTT	TAAAAATAAG	TGACACGGAA	CTTCTGAAGA	960
	ATAAATAGGC	GCCTACAACC	GTTAAAAATA	AAATGATAAA	CGGTGATGTC	ATAGCCATAG	1020
30	TTAGTGCTTT	GAACGTACCA	AACATTTCTG	TCGCCATATA	ATAGCCTAGT	GCAATCATAG	1080
	CAATACCTAA	TACGCCTGAA	ATAACCTCTG	CAGTCGTTAC	TTTAGCAGTT	GTGGCATCAG	1140
	TTTTAATTGA	ATCTTTTCATC	ATTGATAAGA	TACTACGTCT	TTTTAGAAAT	AAAGCACTTT	1200
35	GAAATAAAAT	CAGTACATAC	GCAATAATTA	GCATGAAAAT	AGTTAAAACA	AGGGCCATAG	1260
	GTTcGAAATG	TATCGATAAG	TTAATCGATA	ACGACATCAA	TTTAGATACT	ATGGAAAGCA	1320
40	ATAaTTGTGC	ACCTGCAATG	CCACATAATA	CACCGACAAC	ACCTGTGATT	AAAAATACGA	1380
	TCATTtGTTc	AAGTGCTAAC	ATTTnCAAAA	TGTTTTGTcG	TGTTAAACCA	ATCaACTGAA	1440
	ATAGCGCAAA	TTCACGTGTA	CGGCGTTTTA	CGrmTAAATG	ATTGGCATAc	ATTAAAAAGA	1500
45	TGACAATAAT	GATAAATAAA	AATATTGATC	CGACTAAAGC	ACCTTTCTTA	ATGATGGCCA	1560
	TCGAGTCGTC	ATTATTTACA	CCTTTAGTAA	ACTGTAAGGT	TGTAAAACTG	AAATATAAGA	1620
	CGATGCTAAA	AAATAATGAA	AATAAATACA	TTGCATAATG	TTTTAAGTTT	TGTCGTAAGT	1680
50	TTTTGAAAAC	GATATGGTTA	AATGTCATTT	GAGACACCAC	CTAATACTGA	TTGAAGATGT	1740
	ACAATGTCTT	CATAAAAGGC	CTGTTTAGAA	CGTCCTTCCT	GATAAAGTTG	TGTATGAATT	1800

55

	ACCATGACAA TAGTTGTATC AAACGATTTA TTCATTTCTT CCAAACGTTG TAATAGGTCA	1920
	TTTGCACTTT TCGAGTCGAG TCGCCTGTT GGCTCATCTG CAAATATGAT TTGTGGTTTG	1980
5	TGAACAAATG CTCTCGCTGC TGCAGTTCTT TGTGTGTGAC CACCAGATAA TTCGCTAGGG	2040
	TATTTATTTT CTAGGTCATA AATACCTAAT GCTGTCGTGA TCGCTTTATA ATTTTCTTCC	2100
	ATTGTTGCCT TCGACATTTT TTGAACAGAT AAAGGTAACA TAATGTTTTT TTTAACGGTT	2160
10	AATGTCGGCA GAATACTGTA ATCTTGGAAG ATGAAACCTA ATGATTCTTT GCGGAATTTG	2220
	GCAAGTGCTT TTTGATTAAAG TTTATTAAGC TCTGTCCGT TAGCAATCcg cTACCGCTAG	2280
15	AAATTTGGTC AATTGAACTT AGTACATTTA ATAAGGTTGT CTTACCTGAT CCAGAAGGCC	2340
	CCATAATCGC AACGAATTCG CCTTTTTGTA TGTCAAAGTT AATATCTTTA AGTGCTTGAA	2400
	ATGTGTGCTT TTTACCGTAT GTTTTTGAAA CATGTgCACT GATAATATCG TCATAGTCTC	2460
20	ACTCCTTtTG TATTTAATTT CATTTTAAAT AATGTTTGGA GTAGTAGCCT TTATCTAAAC	2520
	TTACAATTCA ATGAATGAAC CTTACAGAGT TGAAArcTAT CGCTACTTAG TAGATTTTTG	2580
	AGTGAGGATA CAGATTCATC GTACATATTA GACAAAAGCA ATGGTGCTTT CTAAGTGATG	2640
25	ATGTTTGTGT AAATTGAGAA AAGGGAATTT AATTATTGTA TAATAAATTT TTTGTAAAAA	2700
	TTAAAAGAGG GTTTTATTTG AAAGGAATTG ATTGTTATGG AAAAAGGAAA TCAAGGTATT	2760
	AAATGGTCTA GTTTAATAAT GGGTGTATTA TTATTAATGT TGGCAGTCGT TATTTTTACA	2820
30	TTTCCAATTG AAAATTTTTT TGCTATTACC TGGTTGATTG GACTGTTTGT ATTAATTAAC	2880
	GGTGTGATTC AAATCGTTTA CCGTAGAAAA GCAAAAGCTT TAGTAGGTGG TAACCAAAT	2940
	TGGATTCTGT TTATGGGGAT TGTAGATATT CTATTTGGTC TATTAGTTAT TTTAATGTT	3000
35	GGCGCAAGTT CAGCATTCTT TATTTATATG TTTGCTTTTT GGTTTATTTT TAGTTCATC	3060
	TCTGGATTAT TTACGTTTTT GGGTAGTGGT AGCTTAAAC TAATTTCACT GATTTTTAAT	3120
40	TTATTAGGTA TTGTTTTCCG TGTCATTTTA TTATTTAATC CATTAAATGGG TATCGTCTTT	3180
	ATTTGACGA TGATTGCTAT TGCATTTGTA TTCGTAGGTG TCATTTATGT TGTAGATGCA	3240
	CTTGCTTAAG TAAAATGAAG CGGTTCAAAA GAAGGGTGTG ACATGAAGTT TGTGTCATAT	3300
45	CCTTTTGTGTT GTGTTTATGA AGCATAAAAA AGGGGCGCTA CCTACAATAA GTAAGATACG	3360
	CCCATATTTT TATATTTTAC TATTATTGTT TTTCAATACG ATTAATAGTT ACATTTAGTC	3420
	CAAAATATTT TTCTAAAAAA TGTTTATAGT TATCTTTAGT GACATCAAAT TTTTCTGAGC	3480
50	TACCATTCCT TGTTAAAGTT AAATGATTTT CAGACATTGT AGCACGGCCA AATGATTGTG	3540
	GCATTGTAAT TAATAAATGC TGTACAAATA TTGAATCTGG ATGCGTTTGA TTATATTCGA	3600

55

	AATGATCATT	TTCGAATTTT	TGAACATAGA	AAATATCCTT	GTCTTCGTTG	TTAAAAATAG	3720
	CGCGGAATGT	ACCACTGATA	TCAGTAATTG	GTTGTGTATG	CTCAGATGAA	GTAATAGGAA	3780
5	TGGCATGTAG	AGGTAAGTCT	CCAAAGCCAA	CATCAGTTAC	ATAGAATACA	TCATTTATAG	3840
	AAACAACAAG	TGAAGCATGT	GAACCGTTCA	GACTACGACC	GCCACCGGGw	GTGTGAATAG	3900
	TAGCTGACAT	TAATTCAGGA	TTAAATCCTT	TTTGTGTGAA	ATAGGCTTTG	AAAAATGTAT	3960
10	TTAATTCATA	ACAAAAACCA	CCACGTTTAT	CATGAACAAT	TTTATTAAAA	AGTGCATCGA	4020
	TATTTATAGA	TATCGGCTTA	CTATTTTGAA	CATCAATATT	TTCAAAAGGT	ACAGTTAACA	4080
	TAAAACGTGT	TGCATAATAA	TTTAATGCTT	CAATACTCGG	TCGATTATAA	CGAGATGAAT	4140
15	CAATTTGTAA	ATAATTCTCT	AACTTCGCAA	TATTCATAAG	CATAGCGCCT	CCTGTATTAA	4200
	AGATTATAAT	TAAATTTTAA	ACAGAAATAC	TGAAATTTTA	AATTCGAAAG	CATTGAATTT	4260
20	TGGATAAATA	CATTTTAAAT	AGAAAAATAC	GCTCTCAAAA	TGAAGTCATC	TCTAAAAGAA	4320
	ACGATTTAAA	GATGACTACT	GAGAGCGTAG	CATAATGGAA	GAAGTGTGCA	GGGTGTCTAA	4380
	AAATGCAACA	ATACAAAGGT	AGTTGCAAGA	CAAGTTGCCT	TATCTAGACC	ATTTGTGTTC	4440
25	TATGCGACCA	AACTTCCAAA	TTAAACTTGA	AATAAGCCAA	GTAATTAAAA	ATAATGCAAC	4500
	TAAAATATAG	CCTAAATAAT	CAAATTCGAT	CGAACCAATG	AATGCCCAAA	ACGCACCATG	4560
	TAAATCTAAC	TTATCAGCAA	GAATTTGTAG	CAATTCAATC	ATCCCAATCA	CTAATGCTGC	4620
30	CATGACTGAT	ATCGCAGTAA	TCGTTATATT	GTAATAGATT	TTGCGAATAG	GATTGAAGAA	4680
	TGCCCAATTA	TAGGCATACT	TCATTACAAC	ACCATCTAAT	GTATCCAATA	AACTCATACC	4740
	TGATGCGAAT	AAAATTGGTA	AAGATAAGAT	TCCGATAAAT	GAAATGGCTT	GTTGTGATGC	4800
35	GCCTGAAGAA	AGAGCGAGTA	ACGCAATTTT	ACTAGCTGTA	TCAAAACCAA	GTCCAAATAA	4860
	AAAGCCAAGT	GGCAATACGT	GCCAACTACG	CGTGATTAAT	TTGAAATAAG	GTCCTACAAA	4920
	TCGAGAAACC	AATCCTCTAG	ATTCAAGTAA	TGCATCGACT	TCAGCTTCTT	CAATGTGTTC	4980
40	ACGACGTAAT	TTAGCGAACA	AGTTAATTAA	AGAGATTAAA	ATAATTAGAT	TCAACACACC	5040
	GATAAGCACT	AAAAAGAAAC	CTGAAACTAG	TGTACCAATC	GTTCCACCAA	TATCTTGGAA	5100
45	ATGCGGTAAT	TCATCTTTAG	CCCATTTTAC	AGATACCCCT	AAAAAACAG	CCATTAAAAA	5160
	TACGACAGAT	GAATGTCCAA	TTGAAAAATA	GAAACCCACA	CCAGATGGAT	CTTTCGTTG	5220
	CTGTAATAAT	TTGCGaACCG	TATTATCTAT	TGCAGCAATG	TGATCTGCAT	CAAATGCATG	5280
50	ACGCAAACCT	AATGTATATG	CAAGAATCCC	CaTACCAAAT	AAGATATGAT	GGTCTTTTCC	5340
	AGCAATCCAT	AAAAAACTAA	ACCCAATAAC	GTGTAACAAA	ATGACAATAG	CTATGTATGG	5400

55



	ATATTTAATC ATACTGTATG TTCAATGGGC ACTCTAGTAA TAAGTGTTCA TATAACAAAA	5520
	ATGTTATGCC AAATTATTTG TTATATAAAA ATATACATGT AACCACAAAA GATTTTTTGC	5580
5	GATATATATA ATTTGATAAA TTAACCAACA ACAATGTAAG ATGTCACTTT GCTTAACTTG	5640
	GCATCCTTTT TATGATTTTC AAATTCAAAA AAATGAGCAA AATGAATCTC TTACcAGTT	5700
	TTTAATATTT CaATACCATG CATGGAACCT AAGCACCCAT GTGTGATGCT GGAATGGATA	5760
10	TTGAGACTAG CAACCTGATT GTAATGATTA GATAGTTCTT GAATTAATAT TTGAGGTCCG	5820
	TATATGTCAA AGCGGCCAGG GACAGACCAA ATAAATTCTG TTGTAACCAG TGAACGTAAT	5880
	AATTCAATAT CTAATGCTGC TGTAACAACT ATAAAATCTA TCATTTGTTG ACGTTTAGGC	5940
15	GCATGATTGC ATGACACATC TCCTGTTAAC TTAAAAGGTA ATGATGACTG AACTTCCGTT	6000
	TTAAAATGTA GTTGGTGCTG AAATAAAGCT TGTTT	6035

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 273:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1039 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 273:

30	TTTTGAACAG CCATATTTAT TCACCCTCAA CATCATTATA ATGGTATTAG TCGCATTACC	60
	TTCACTTGTT TTAGCTATAT ATGATTATAT GAGTTTTAGA ATTTCTTCTG CTATTTTACA	120
	ATTTCTAGGG GCTATCTCTT GGTTCCTTTT ATCATTGATA TTATCGCTCA CACAATTTAC	180
35	ACCTTTTACA TTAGCGTCAT TTATAACTTC AATTATTTTG TTCACAAGCA CAATTATCAC	240
	ATTAGCCATT GGTGGTAAGT CTGTTGAAAA GAATGATTCC CCTTAAATTC CAAATGAAAA	300
	AAAGGTTCTG AAGGCCGCTA TAAACACAG TTTTTCAGAA CCTCTATACT TCTATTCAAT	360
40	GATATATGGT TTGCAATTTT CTACCTTTAA ATCCACAGCT TCTGCCCTTG AAACTTTGTT	420
	AAAATAAACC ATCAAACAAC GAATGACAAC TTGATGTGCA ACAATGACAA TATCATCTTT	480
45	TTGTGTATCT TCATTGACAA CATGATTCAT AAAATGTTCT ACGCGTTGAT ATACATCTTC	540
	ATAACTTTCT CCTTCAGGCG CTTTTTGTTGA AAAACTATGA CGAAAGTCTT TAAAGTTTGG	600
	ATCATTGAAA TATTTTTCAT ATTTCCGATT CGCACTGATT TCATCTTTAT ATTCACCCTC	660
50	AAATACGCCA AGTGAACGTT CTCTTAATAG AGGGGTAGTC GTTGATGCAA TGTCATATGG	720
	AAAAATATGT TCAAACGTTT GCTGTGTTCT TAATAAGTCT GAAACATATA CATGTTTAAT	780

CGGCACATCT AATTGTCCAC AAAAATAAGA TCGAAAATGT TTATTATCAT AATTCGATTT 900  
 TGATTCGCCA TGTCTAACTA AATAAATCGT CATAATATTA CTCCTTACCT TATGTATTTC 960  
 5 ATATCTACCA TAACACTTTG ACTACTAATT CGATATCAAT CTTAATATTC TATTCTAAAA 1020  
 AAAGAATTAA TTCATATnT 1039

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 274:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1496 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 274:

GAGAGAATnT GCAATTAGTT ATTCAATTAG TTGATTTAAG ACATGATCCA ACACAAGATG 60  
 20 ATATCTTAAT GTACAATTAT TTGAAACATT TTGATATTCC TACTTTAGTT ATATGCACTA- 120  
 ArGAaGACAA AATTCCaAAA GGTAAGGTyC AAAAGCATAT TAAAAATATT AAGACACAAT 180  
 25 TAGATATGGA CCCAGACGAT ACAATTGTAA GTTATTCATC AATTCAAAAT AATAmCAAC 240  
 AACAAATATG GAATTTAATT GAACCGTATA TTTCATAGTT TTTGTACGTC AAAACTTATA 300  
 CAAAAATTTT AAAAATAATG TAAGCACGAA ACTTTTAATT AGTACACAAT TGATAACATT 360  
 30 TTTCAACGTT CATCATTTTG TCAAAACTC AAAAGTAAAT TAGAAAGATT ATAATTTATT 420  
 TAAGCATCGT ACTTAATTGG ATTTTAAATT ATGTTATAAT ATTTGTATTG TTAGTATATA 480  
 TGGGGGCTTT TCAAATGCAT TTTATTGCAA TTAGTATAAA TCATCGCACA GCTGATGTgC 540  
 35 ACTAAGAGAG CAAGTTACTT TTAGAGATGA TGCCTTACGA ATTGCCCCATG AAGATTTATA 600  
 TGAAACTAAA TCTAyTTTAG AAAATGgTCA TATTaTCAAC ATGTAATCGA ACTGAAGTAT 660  
 ATGCTGTTGT TGATCAAATT CACACAGGTC GTTACTATAT TCAACGATTT CTAGCTCGTG 720  
 40 CATTGGAATT TGAAGTAGAT GATATTAAAG CAATGTCAGA AGTAAAAGTG GGGGACGAAG 780  
 CaGTAGAACA TTTATTGCGT GTCACCTCTG GTTTAGATTC AATCGTACTT GGAGAAACTC 840  
 AAATTTTAGG TCAAATAAGA GATGCATTTT TCTTAGCGCA AAGCACAGGT ACGACAGGrA 900  
 CAATTTTAA TCATCTATTT AAACAGGCAA TTAATTTTGC AAAAAGAGCA CATAATGAAA 960  
 CAGATATAGC TGATAATGCT GTAAGTGTGT CTTATGCTGC GGTGAGTTG GCGAAAAAAG 1020  
 50 TATTTGGCAA ATTGAAAAGT AAGCAAGCTA TCATTATTGG TGCAGGGGAA ATGAGTGAAT 1080  
 TATCACTATT AAATCTTCTT GGTCTCGGAA TTAATGaTAT TACAGTAGTA AATAGAACAA 1140

TACCAAATTT ACTTGAAAGT GCAGATATTG TGATTAGTTC AACGAGTGCA CAATCTTATA 1260  
 TCATTACAAA TGAAATGATA GAAAGAATTG CAGAAAATAG AAAGCAAGAT TCACTAGTAT 1320  
 5 TGATTGATAT TGCAGTTCCT CGAGATATTG AACCTGGTAT TAGTGCCATC ACAAACATCT 1380  
 TTAATTATGA TGTGATGAC TTAAGGTT TAGTTGATGC AAACCTTACGT GAGCGACAAT 1440  
 TAGCGGCTGC AACAAATTCG GAACAAATTC CTACAGAAAT ACATGCACAC AATGAG 1496

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 275:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4826 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 15 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 275:

CTTGATTTTT TCCCTTTAGT ATTTTCCaTt TGanTGTCGC AGCTTCTAAA TCCTGCTTTG 60  
 GTTCTCTAGT GAACTTCATA ATTAAAGCAG CTACAACGAA TGATACAAGT GCAGCAAGGA 120  
 25 AGACACCGAG TAACATGTGC AAGAATTCAC CTCTAGGTGC ATTTAAACAG TAAACTATAA 180  
 ATGAACCTGG TGACGCGGGA CTTTTAAATC CAAATCCTGT TGCTTGATAA GTTGCAACAC 240  
 CAGTCATTCC ACCTAAAATA ACAGCGATAA ATAATAAAGG ACGCATTAAAT ACATATGGGA 300  
 30 AATAAATTTT ATGAATACCA CTAAGAAGT GGATAATTCC AGCACCATAT GACGTTGCTT 360  
 TTGCAGTGCC TTTTCCAAAA ATCATATAAG CAAGTAAGAT ACCTAAACCT GGTCCAGGGT 420  
 TAGATTCAAT TGTGTATAAA ATTGATTGAC CAGCTTTTGC AGCTTGATCT GCACCAAGCG 480  
 35 GTGTGAATAC ACCATGGTTA ATCGCATTGT TTAAAAATAC AATTTTGTGA GGCTCTACTA 540  
 AAATACTTAC AAGTGGAAGT AGGTGTGCAT GTACTAATGC TTCAACTGCC ACTGATAAAA 600  
 TATGCATAAT AAATTTTATA AGTGGTGCTA AAATTTTAAA TCCTGCAATC GTCATGATAA 660  
 40 ATCCTAAAAT ACCAGCAGAA AAGTTATTAA ATAACATTTT AAAACCTTGC GCGGTTCTAG 720  
 GTTGAATCAA TTGGTCGGTC TTCTTCATTA ACCAACCAAC AAGTGGACCC ATAATCATTG 780  
 45 CACCAAGTAA CATTGGTGTA TCAGSTAATG CAACGATGAC CCCCATAGTT GCTGTTGCTG 840  
 CGATGATACC ACCACGTAAA TCATAAATTA AACGACCACC ACTAAATGCG ATCAATAATG 900  
 GGATTAAATA AGTAATCATT GGTCTGCTA AAGTAGCTAA ATCTTTGTGA GGTAACCATC 960  
 50 CATTATCTAT AAAAATGGCC GCGATAAAAC CCCAAGCGAT GAAAGCGCCA ATGTTTGGCA 1020  
 TGATCATACT ACTTAAGAAT GATCCAAATG CTTGAACACG ACGACCAATT CCTTTTTTCT 1080

	GAGAGGTTAC TTGTTACTCA ATATAAACAA AAATCAACTT TGTCAAAATA AATGTGACAA	1200
	AATTAAATAA AGTGTCATCA ATGTGACAGT ATAGATATTT TGAAAAAGTA AAACAAAAAA	1260
5	ATTGTTTTAG GATTTTTAAA ATTTTATTGT GAAAATATTT GCAAAACAAA ACAACACCGT	1320
	GTACAATAAT GATTAATGGA AAGGGGGAAA GTTCGGCAGT ACAGTTAAAG CGCCTGTGCA	1380
	AATAAATATT TGTATTTGAA GATTAAAGGT TAATATATGA GTGGCCTTTA TAGAGTGCAA	1440
10	TATATGTATT TGTAGACGAG GAGGATAGTG ATCGAATAGA TCGGCGGATG CTATCCCGGA	1500
	TGTGGCTCAT TCGTTAGCTT ATTAAGTAAA ACATTAGGGT GACTTAATGG ACAAAGTTAA	1560
	TAAGATCGCC AGAAATTGAA TATAAAAAAT ATTAATATGG AAAGTACAGT GTGAGCAATT	1620
15	TGTATAGTTG TAAAAATAAC TATGCTTAAT TTGTTATGGA TGAATGCGAT GATAGCATGT	1680
	TCCTATTTAT ATTATGAAAG CAGATTGTCA ATCTAAATTA TCGGCAATAA ATCATAATTT	1740
20	ACGCGTACTA TTCCAATATG GAGGAAAATG TCGTTATGTG TGAATTGTT GGTATATTG	1800
	GCTATGATAA TGCCAAAGAA TTATTATTAA AAGGTTTAGA AAAATTAGAA TACAGAGGT	1860
	ATGACTCTGC AGGTATCGCA GTAGTAAATG ATGATAATAC AACTGTATTT AAAGAAAAAG	1920
25	GTCGTATTGC AGAATTACGT AAAGTTGCTG ATAGTAGCGA TTTTGATGGA CCTGTTGGAA	1980
	TCGGTCACAC ACGTTGGGCA ACACACGGTG TACCGAATCA TGAAAACTCT CATCCACATC	2040
	AATCATCAAA TGGCCGTTTT ACTCTAGTTC ATAACGGTGT TATTGAAAAC TATGAAGAGT	2100
30	TAAAAGGTGA ATACTTACAA GGTGTATCAT TCATTTCAGA AACAGATACA GAAGTTATCG	2160
	TTCAATTAGT TGAATACTTT TCAAATCAAG GACTTTC AAC TGAAGAAGCA TTTACAAAAG	2220
	TTGTGTCATT ATTACATGGT TCATATGCAT TAGGTTTATT AGATGCTGAA GACAAAGACA	2280
35	CAATCTATGT TGCTAAAAAT AAATCACCAT TATTATTAGG TGTTGGTGAA GGTTTCAATG	2340
	TTATGCGATC AGACGCACTT GCAATGTTAC AAGTGACAAG CGAATATAAA GAAATCCATG	2400
	ACCATGAAAT CGTTATTGTT AAAAAAGATG AAGTTATTAT TAAAGATGCA GATGGAAACG	2460
40	TTGTAGAACG TGATTCATAT ATTGCTGAAA TTGATGCATC AGATGCTGAA AAAGGTGTTT	2520
	ATGCACACTA CATGTTAAAA GAAATTCATG AACAACCAGC AGTAATGCGT CGTATTATTC	2580
45	AAGAATATCA AGATGCAGAA GGTAACCTGA AAATTGATCA AGACATCATC AATGATGTTA	2640
	AAGAAGCAGA CCGCATTAC GTTATTGCAG CAGGTACAAG CTACCATGCA GGTTTAGTAG	2700
	GTAAAGAATT TTAGAAAAA TGGGCTGGCG TACCAACTGA AGTACACGTT GCATCAGAGT	2760
50	TTGTCTACAA CATGCCATTA TTATCTGAAA AACCATTGTT CGTTTATATT TCTCAATCAG	2820
	GTGAAACTGC AGATAGCCGC GCCGTATTAG TTGAACTAA TAAATTAGGT CATAAATCAT	2880

	TACACGCGGG TCCTGAAATC GCAGTTGCAT CTACAAAAGC ATATACTGCA CAAATTGCAG	3000
	TATTATCAAT CTTGTCTCAA ATCGTTGCAA AAGAGCaTGG TCGTGAAGCA GATATTGATT	3060
5	TATTGAGAGA ATTAGCAAAA GTAACAACAG CAATAGAAGC AATTGTTGAC GATGCACCAA	3120
	TTATGGAACA AATTGCTACA GATTTCTTAG AAACAACACG CAATGCATTC TTTATCGGAC	3180
	GTACTATTGA CTATAACGTA AGTTTAGAAG GTGCGTTAAA ACTTAAAGAA ATTTCTTACA	3240
10	TTCaAGCAGA AGGTTTTGCT GGTGGAGAAC TTAAACATGG TACAATTGCC TTAATCGAAG	3300
	AAGGTACACC AGTTGTAGGT TTAGCAACAC AAGAGAAAGT TAATTTATCA ATTCGTGGTA	3360
	ACGTTAAAGA GG TAGTAGCA CGTGGTGCAC ATCCATGTAT TATTTCTATG GAGGGTCTTG	3420
15	AAAAAGAAGG CGACACTTAT GTCATTCCTC ATGTACATGA ATTGTTAACG CCATTAGTAT	3480
	CAGTGGTTGC ATTACAATTA ATTTCACTACT ATGCAGCATT ACACAGAGAT TTAGATGTTG	3540
	ATAAACCACG TAACCTTGCT AAATCAGTTA CTGTGGAATA ATTCACTTTT TTAGAATCAA	3600
20	TCATGTATTA AAATTAAAGT ATATGGCACC CTTT TAGATT AATCGACTAG AAGGGTGCTT	3660
	TTTTAGGTCG ACTTaGCTTT TACTTCATCT TAATTGGCA GAAATGCGTa AAAATGAAGT	3720
25	GTTTTATTTA TTAAATAGT CTGACAATTA AGGGTGTTAT GTTAATATGA TTTTATGAGA	3780
	AGTATGGAGT AGCAATAAAG GGGTGACCTC GCATGTTAAT TCAATTAGAT CAAATTGGGC	3840
	GAATGAAGCA AGGAAAAACA ATTTTAAAAA AGATTTCTTG GCAAATTGCT AAAGGTGATA	3900
30	AATGGATATT ATATGGGTTG AATGGTGCTG GCAAGACAAC ACTTCTAAAT ATTTTAAATG	3960
	CGTATGAGCC TGCAACATCT GGAAGTGTTA ACCTTTTCGG TAAATGCCA GGCAAGGTAG	4020
	GGTATTCTGC AGAGACTGTA CGACAACATA TAGGTTTTGT ATCTCATAGT TTAGTGAAA	4080
35	AGTTTCAAGA GGGTGAAAGA GTAATCGATG TGGTGATAAG CGGTGCCTTT AAATCAATTG	4140
	GTGTTTATCA AGATATTGAT GATGAGATAC GTAATGAAGC ACATCAATTA CTTAAATTAG	4200
	TTGGAATGTC TGCTAAAGCG CAACAATATA TTGGTTATTT ATCTACCGGT GAAAAACAAC	4260
40	GAGTGATGAT TGCACGAGCT TTAATGGGGC AACCCAGGT TTAATTTTA GATGAGCCAG	4320
	CAGCTGGTTT AGACTTTATT GCACGAGAAT CGTTGTTAAG TATACTTGAC TCATTGTCAG	4380
	ATTCATATCC AACGCTTGCG ATGATTTATG TGACGCACTT TATTGAAGAA ATAAGTCTA	4440
45	ACTTTTCCAA AATTTTACTG CTAAAAGATG GCCAAAGTAT TCAACAAGGC GCTGTAGAAG	4500
	ACATATTAAC TTCTGAAAAC ATGTCACGAT TTTTCCAGAA AAATGTAGCA GTTCAAAGAT	4560
50	GGAATAATCG ATTTTCTATG GCAATGTTAG AGTAAATATT TTGCAAATAA TAAGTAATAA	4620
	TGACAAAATT TAATTAAGAT AAAATGGACA GTGGAGGGCA ATATGGATAA CGTAAAAGCA	4680

55



AAAGATGTCA TTAATCAATT GAGAGAGAAA GGATATAAAG TATTTTGGC AACAGGACGT 4800  
TCGCATTCTG AAAATACATC AACTTG 4826

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 276:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4846 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 276:

GAATAAAAAG TAAAATTACT CGCCTTTGTT ACCTTTACT TTATCAATAA AATCAGTTGC 60  
TTTTCTTTT GCATTTTCAA CGAATTCTTT CGCTTACCA GAAGCTTTAT CTTCTTTACC 120  
TTCGTTTTCT AAATTTTAT TATCAGTAAC ATTACCTACT GTTCTTTAA CATTACCTTT 180  
TGCTTGTTCA AATTTACTTT CGTCTGCCAT AATAAATGCC TCCTCGGAAT AATTAAATGT 240  
TATATATAAT ACTTACCCAC TGAAAAATTA TCTAAACATT TTAATTAAAT AATTTTGTAT 300  
ATTGATTGGA CGTCATTTTA TAACTAGCGA AATAGATTCA TCATTAACCTT GAGGGAGTGG 360  
GACTGAAATA ATAAAGAATC ACTAATGATT TATGATGTAT TAGTCACTAG CCATGTGAAA 420  
TTAAAAATAA GAATAAATGA GTAGCACGCA TGCATATAGG ATTTTACTTT ATCCGTAATA 480  
GCATCTCATT CCTAAATATC ATATAAATAC CTGTTTAAAT TAAAAAGCCC AGCAACATCA 540  
CGTACTGAG CCATTAATAT GATTTATTTA GCAGGAATAA CTGCACCATT GTATTTTCA 600  
TTAATGAAGT CTTGAATATC TTTAGATTGT AATACTTCAA TTAATGCTTT GATTTTCTTA 660  
TCATCTTGAT GTCCTTCTTT AACAGCAATT AAGTTTGCAT AAGGATTATC TTTCGCACTT 720  
TCTACAGCAA TAGAATCTTT TTTAGGATTT AGTTTTTGTG CGATTGCAAA GTTCGAATTA 780  
ATGATAACAG CATCAGCGTC TTCATTTTGA TAAATTTTAG GTAAGAATTC TGCTGATTGT 840  
TTATTATTAA ACTTAATATC TTTTTTATTC TCTGTAATAT CACTAAACTT AGCATCTTCA 900  
ATTTTACGC CTTTTTTGAT TTTAATTAAA CCTGCATCAA CGAAGAATTT TAAGAAACGT 960  
CCTTGTTTCA CTGGATTATT AGACACATAG ACTGTTGCAC CTTTTGGTAA TTCTTTTAAA 1020  
CTTTTATACT TTTTAGAGTA TACAGCCATA GGTCTAAGT GAACATCACC GGCACCTACG 1080  
ATTTTGTAAC CTTTATCCTT TTTCTCTGTG TTTAAATATG GTGTATGTTG GAAATAGTTT 1140  
GCGTCAATTT CACCTTTGTC TAGTAATTTA TTAGGTGTAG TGTAATCGTT AATTGTTTTA 1200  
ATATCTAGTT CATAACCTTT TTTCTCTAAT AATGGTTTTG CTTTTTCTAA AATTCAGCA 1260

	TTACCGCAAG CTGCTAATAC AACTGCAAAT GTTAATACTA AAATAAGACC AAATAATTTT	1380
	TTCATAAAAT GAAACCCCCA ATTTATCGTT TATCAAGTTT ATTTGTAAGC CAATCCCCAA	1440
5	TGAATTGGAT TATAAATACA ATAATTAAAA TAAAACTGT TGATACTAAA ATGACATCAT	1500
	TTTGATTTCG AGTGAAACCT GTTAAGTATG CTAAATTTCC TAAACCACCG GCACCAATTA	1560
	CACCTGCAAC TGCTGTTGAA CCAACTAAAG CGATTGCTGT AACTGTAATG CCAGACACTA	1620
10	GCGCTGGCAT AGCTTCAGGT AAAAGGACTT TACGAATTAC TGTCCAAGTA TTAGCGCCCA	1680
	TTGACCAAGC CGCTTCGATG ACACCTTTAT CAATTTCTTT AAAAGCAATT TCTACGAGCC	1740
	TTGCATAAAA CGGTGctGCG CCAATGATCA AGGCTGGTAA CGCACCTGTC GGACCACTTA	1800
15	TCGTTCCAAG TATCAAACCT GTAAATGGAA TTAATAATAA AATTAAAATA ATAAATGGTA	1860
	TCGCTCTAAA TAAGTTAACA ATGAAAGAAA CGATAGAATA AAATAACCTT GCACCGATAG	1920
20	ACTTACCTTT AGCAGACAAG AATAATAACA CACCTAAAAT AAGACCAAGT ATAAATGCAA	1980
	ATATAGTTGA GACGACTGTC ATGTATAGTG TTTCGACTAT TGCAGTCCAA ACTTCTGGCC	2040
	ACTGAATATT AGGCATTGTA ATCATTTCAT TTATAATTC ACTAAATGAT TTACCCATGT	2100
25	CTTAACACCT CCATTTTAAC TTGTCGCTCA ATTAACCTT TTTCGAATTT TCCGAAATCT	2160
	ACACTTGAAA TATATGGAAT ATGCAGAACT AAAAAGCCGA CTGTTCCATT TTTTGTATTT	2220
	TTAATATTTG CTTCTAAAAT ATTAATTTTA ATATCATAGG CAGTTGATAG ACTCGATACA	2280
30	ATAGGCTCGG TTGTTGTTGA ACCAGCGAAA ACTAATCTAA CGATATATGC ATCTTTTCT	2340
	AATGGCTCTA ATTCTGTAA AGATGTTTCG AAATCATCAT TTAAATCGTC TTTCACAAAT	2400
	CGTTTTGTCA CAGTGTGTTG CGGATTTTCA AAAACCTGTG TCACCGGTCC TTGTTCTATC	2460
35	ACTTTACCAC TTTCCATAAC TGCAACTTCA TCACAAATAC GACGAATGAC ATGCATTTCA	2520
	TGCGTAATTA GTACAATTGT TAAATTTTGT TGTCTCTAA TTTTATAGTAG TAGATCTAAA	2580
	ATTTATCTG TTGTTTGCGG ATCAAGTGCA CTTGTTGCCT CATCACAAAG CAAGACCGTT	2640
40	GGATCATTaG TAACGCTCGT GCAATCCCCA CACGTTGCTT TTGTCCACCT GATAACTCTG	2700
	ATGGATAAGC CTTTTCTCTA CCTTTTAAAC CGACGAGTTC GACAAGTTCT AATGCTTTTT	2760
45	GCTTAGCTCT CCTTCTAGGG ACACCTGCAA TTTCAAGCGG AAACATAATA TTTTTTAACA	2820
	CAGTCCTTGA CCATAACAAA TTAAAATGTT GGAAGATCAT ACTTACTTTT TGTCTTTTGT	2880
	CTCTTAATCC ATTTTGGAC AATTGACCTA TATGGTCTCC ATCTATAATA ACTTCACCTG	2940
50	ATGTAGGCGC TTCTAAATGA TTAAACATTC GAATCAAAGT ACTTTTTCCT GCTCCAGAAA	3000
	AACCAATGAC GCCATAAATC GATCCTGCTC GAATCGATAA ATTAACGTGA TCTACAGCAA	3060

55

	TTCCTCCCTG TGTGCTTAA TAAAATAAAA AATGCTTTCT CAATATCGAT AGAAAAATTG	3180
	AGAAAGCAAT AGTAGTATTG TTTCTCTCAT CTTCAAAAGT TAAAACTTTA TGTGAATTGG	3240
5	CACCATTCT ATATAAGACG GTTGCCGGGC TTCGTAGGGC ACATCCCTCC ACCACTCTCG	3300
	ATAAGAGTTT ACGCATCATT TAATTTGTAT TAATCCTAAC ACCTTAGTAA AATTTCGTCA	3360
	ATAACTATTT TAAATTTTCT AACAAATCAG TCACCGATT AAATGCATAA ATTCGTTTAA	3420
10	CTTCTTTATC TTTATTCATC AACAAATAAAA TCGGCGTAGA CATGATTGTC ATATCTTTAC	3480
	AAAAGTGGG ATAAAAGTTT AAATCTATTT TCAATAATGG TAACTGCAAT ATTTCAATTAG	3540
	CAATGTCTAA CATTCTTTCT GaAACCTTAC AAGTACCACA CGTTGGTGTA TAACCAAAGA	3600
15	TTAAATGTTT GTCTTCCTCA TAAAATGTAG TTACATCTTT GATGTCTAAT GAATTATTCA	3660
	TTTACTAAAA CTAACCTTTC ATTATTTATA TTCGGTAAAA GAGGTGTTTC TTTCTTACAA	3720
20	GTAAAGCCAT GTTTTGAAAG TACATGCGCC AAATATTGTT TGGGGCAATT CGCAACTTGA	3780
	CAGTAAGTTT TATCAATAAA TATATGTTCA CTTTCACTCA AATAACGTTT AAACCAATTT	3840
	CTAATTCGAT CTCCTTCGTC ATCAGAATCG GCTAATACAA AAACCTGTTT ATCATAACAGT	3900
25	GATTCTATCA TATCATCAAG CTTATCTATA CTCATTGTTC CATGAGTACA AATAATATTG	3960
	ACTGGTTCTG CAATAACCTG TTGCACCCTT TTTTATCAG ATTTTCCTTC AACAAATTATC	4020
	ACTTTATTTA CAATAGCCAT CATCATCACC CTTTAAAATC AATAAACATC TGTCACGTGA	4080
30	TCATTTTACA AAATTGGTAT GAATAAAACA TAAATCACAA AAAATTTAAA CTAGCTTAAT	4140
	ATAATAATTA CAAACTCAAT GTTTGACTAG CTGGAACATT TAACATAAGC AGACAAAGGC	4200
	TAAGTCAAAA ATCAACATCC TAAAATCTAC AATGTTATAT TAACAATAGT TAACCAAAG	4260
35	AAAATACACC TATAACAAAC TTTTCAATTA TAGCGGGGCC CCAACACAGA AGCTGATGGT	4320
	AAGT <sup>2</sup> AGCTT ACAATAATGT GCAAGTTGGC GGGGCCCAA CATAAAGAAA TACTTTTTCT	4380
	TTAGAAATTA GTATTTCTTA TGCATGAGTT TTA <sup>2</sup> CTCATGT ATTCTATTT TTAAATACAC	4440
40	ATTAGCTGTG GCTTATGAAA ACAGGCTGGG ACATAAATCA ATGTTCTATG CTCTACGAAG	4500
	TTATATTGGC AGTAGTTGAC TGAACGAAAA TGCCTTGTA ACAAGCTTTT TTCAATTCTA	4560
45	GTCAGGGGCC CCAACACAGA GAATTTTCGAA AAGAAATTCT ACAGGCAATG CAAGTTGGGG	4620
	ATGGGCCCCA ACAAGAGAA ATTGGATTCC CAATTTCTAC AGACAATGCA AGTTGGGGTG	4680
	GGACGACGAA ATAAATTTTG CGAAAATATC ATTTATGTCC CACTCCCTAG ATTGATCTAT	4740
50	AGATACTACA CTTATTAAAG TAATATATTT TTATGATTCT CTTAGCTGCA ATCCCATGAA	4800
	TACATGTAAT CATCAAACCT CATAGCCTCA AGGTCAGTAG ATTTCA	4846

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1843 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 277:

5	AACAAAGACA CAATCGAACA TGAACCATCA GTAAAAGCTG AAGATATATC AAAAAAGGAG	60
	GATACACCAA AAGAAGTAGC TGATGTTGCT GAAGTTCAGC CGAAATCGTC AGTCACTCAT	120
10	AACGCAGAGA CACCTAAGGT TAGAAAAGCT CGTTCGTGTG ATGAAGGCTC TTTTGATATT	180
	ACAAGAGATT CTAAAAATGT AGTTGAATCT ACCCCAATTA CAATTCAAGG TAAAGAACAT	240
	TTTGAAGGTT ACGGAAGTGT TGATATACAA AAAAAACCAA CAGATTTAGG GGTATCAGAG	300
15	GTAACCAGGT TTAATGTTGG TAATGAAAGT AATGGTTTGA TAGGAGCTTT ACAATTAAAA	360
	AATAAAATAG ATTTTAGTAA GGATTTCAAT TTTAAAGTTA GAGTGGCAAA TAACCATCAA	420
	TCAAATACCA CAGGTGCTGA TGGTTGGGGG TTCTTATTTA GTAAAGGAAA TGCAGAAGAA	480
20	TATTTAACTA ATGGTGGAAT CCTTGGGGAT AAAGGTCTGG TAAATTCAGG CGGATTTAAA	540
	ATTGATACTG GATACATTTA TACAAGTTCC ATGGACAAAA CTGAAAAGCA AGCTGGACAA	600
	GGTTATAGAG GATACGGAGC TTTTGTGAAA AATGACAGTT CTGGTAATTC ACAAATGGTT	660
25	GGAGAAAATA TTGATAAATC AAAAATAAT TTTTAAACT ATGCGGACAA TTCAACTAAT	720
	ACATCAGATG GAAAGTTTCA TGGGCAACGT TTAAATGATG TCATCTTAAC TTATGTTGCT	780
	TCAACTGGTA AAATGAGAGC AGAATATGCT GGTAAAACTT GGGAGACTTC AATAACAGAT	840
30	TTAGGTTTAT CTAAAAATCA GGCATATAAT TTCTTAATTA CATCTAGTCA AAGATGGGGC	900
	CTTAATCAAG GGATAAATGC AAATGGCTGG ATGAGAACTG ACTTGAAAGG TTCAGAGTTT	960
35	ACTTTTACAC CAGAAGCGCC AAAACAATA ACAGAATTAG AAAAAAAGT TGAAGAGATT	1020
	CCATTCAAGA AAGAACGTAA ATTTAATCCG GATTTAGCAC CAGGGACAGA AAAAGTAACA	1080
40	AGAGAAGGAC AAAAAGGTGA GAAGACAATA ACGACrCCAA CACTAAAAAA TCCATTAAT	1140
	GGAGWAATTA TTAGTAAAGG TGAAYCgAAA GAAGAAATCA CAAAAGATCC GATTAATGAA	1200
45	TTAACAGAAT ACGGACCAGA AACGATAACA CCAGGTCATC GAGACGAATT TGATCCGAAG	1260
	TTACCAACAG GAGAGAAAGA GGAAGTTCCA GGTAACCAG GAATTAAGAA TCCAGAAACA	1320
50	GGAGAYGTAG TTAGACCACC GGTGATAGC GTAACAAAAT ATGGACCTGT AAAAGGAGAC	1380
	TCGATTGTAG AAAAAGAAGA rATTCCATTC rAGAAAGAAC GTAAATTTAA TCCTGATTTA	1440

CCAACACTAA AAAATCCATT AACTGGAGAA ATTATTAGTA AAGGTGAATC GAAAGAAGAA 1560  
 ATCACAAAAG ATCCGATTAA TGAATTAACA GAATACGGAC CAGAAACGAT AACACCAGGT 1620  
 5 CATCGAGACG AATTTGATCC GAAGTTACCA ACAGGAGAGA AAGAGGAAGT TCCAGGTAAA 1680  
 CCAGGAATTa AGAATCCAGA AACAGGAGAT GTAGTTAGAC CACCGGTCGA TaGCGTAACA 1740  
 AAATATGGgA CCTGTaAAAG GAGACTCgAT TgTaGGAAAA AGarGAATTc CaTTCaGGAA 1800  
 10 AGAcGTaATT TaTCCTGTTT AGCACCCGGG GCAGAAAAGT TAC 1843

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 278:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 8536 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 278:

TAAACAGCGC GTGTACTTGT GATTCCCCCT TCTTCTATTT TACCCACCCG GGAAATAATA 60  
 25 CTTTTCGCGA TTCCTTACTT GaACAAGCAA TATTTTATCa GCTGTTTCTT CAACTAAACA 120  
 GACACATTTA ATCATCTTTG ACACCCCAAC TTTGTGAAAT CAATTTTTCA AATTATACTG 180  
 TACAATTATG TTATCATATA TGAGTAGTTA TAGCGCAAAA CGTTAGCAAT TCAGCGCACC 240  
 30 CAACTTTTCA TATAAACAGA AGATACTAGG GGGAATTATT ATTATGGCAA AACgTTCCAA 300  
 ATCACAACGT TTATCAAGTT TACTAAATGT CGCAGGTTTC ATAGTCGACG GCTACAATGG 360  
 CTATAAATAT CATGCTAAAA ATAAAAAATT AGTATATCTT TCATTAGGTT TAAGCACTGT 420  
 35 AGGAACCGTG TTAGACTTTT ACATTTCAAT TAAGTCACCA CGTAAGTTCA AAAAAGCAGT 480  
 GGCAGTTGTT ACTTTAATAA CAAACGGTGC TAGATTATTT ACAAGCATTG GCAAAGTAAA 540  
 40 ACATGAATAC TAATTCAGAA AAGGATTGGT CGAACATAGA ACATGAAGTT CATTGACCA 600  
 ATCCTTTTTT ATATACAAAA ATTCCTATTA CAACAATCAC GACTTTGATA GCCCCGCCAT 660  
 AAAATTTAGG ATTCAATCCA ACTTTTCAGC TTGTGaAATG TAATAGGaAT TCATTATATA 720  
 45 TTTATATACG TAAGACTTTA GTGAATATAT CTATAATTAT TTACTTGGTA AGCTGGTACC 780  
 GTTCTGTAAG TTAAAATACC TGGTGCAGCT GAATAGTTCA TTTCTGAAAC TAAAATACTA 840  
 CCATCGTTAT TTACACGTTT TACAAACATA ACATGACCAT AGTAACCTAC ATCTGTTTGA 900  
 50 GCGATAGAAC CTACAGTAGG TCTATTGTCG ATAGTGTAAC CATCTGCTGC CGCTGCGTTA 960  
 TCCCAGTTAT TAGCATTCCA CCAATAAGTA CTAATACCTT TACCAATTTT AGCACGACGA 1020



	GTATTGTAAC CTCTATTTGT CGTTGTTGCA GATCCTGAGT TCGTAGATGC aTTACCAGTT	1140
	ACTTTCAATT TTTGACCCGG ATATATAAAG AAATTATTTA AGCCATTTAA GCTCATAATT	1200
5	TTTTGATAAG TTGTACCATA TTTTGATGCA ATTAATGACA ATGAGTCACC TGCTTGTA	1260
	GTATAGTATG ATCCGCCACC TGAGTTCGTT GATGGACGGC TACTATTGCT CGCAGCGTTA	1320
	CTTGAGCTAG CAGTACCTGA TACTTTTAAT TTTTGACCTG GATAAATAAA GAAATTATTT	1380
10	AAACCATTAA GTCGCATAAT GTTTTGGTAA GTTGTACCAT ATTTTGATGC GATTAATGAT	1440
	AATGAGTCGC CTGCTTGTA	1500
	CTACTATTAC TCGTAGAATT ACTTGAGCCA GATACTTTTA GTACTTGGTT TGGGAAAATT	1560
15	AGATTAGATG TTAAATTGTT TAATGACTTT AATTAGCAA TCGAAATCCC ATACTTATTT	1620
	GAAATTGCCC ACACTGATTC ACCCGGTTTT ACTGTGTGAG TTGTAGCCGC ATTTGCTTGA	1680
20	GTTGCCGCAA CAGCGCTAAT CGCGCTTGTC CCAATAATAG CTGCAATTAC TTTTTTTTGC	1740
	ACTTTAAAAT CCTCCTCTTG CTTAACTTTC CTAACATTCT TTTATCCGAA TTTATGAATA	1800
	CTACATCATT ATACGATTTT ATTATGTATA ATAGGTTGAT GTTTGATGAC ATTATGaTTA	1860
25	CAAAAAAATC ATATACTGTA TCATCAAATT TTATAATTAT CCCTTAAAAT TATTACAACT	1920
	TATTAGATTT TACAATATCT AAATTATTAC AATTCATAA TATTTCACTA TAAAATGATT	1980
	ACAATCCCTT TCTCTATTGG AAATAATTTT ATTCTCCAAC AATAACGCCC TACAAACATA	2040
30	AGCATGAACT TTGCTTGTAG GACGCAATAT AATTATTTT GCTAATGACG TTTCTATTGC	2100
	CTTAATCTCA TCTTTAGATA AATTAACAGG TTTCTCTCCA TCTTTGACAT CTTCTGCAA	2160
35	CGCTTTTTGA GCTTCTTTTG AATGATACAA TTCTACGATT TTAGCATATG TTTTGTATC	2220
	CAAGTCTTTG TCATTA	2280
	TTTTTCTAAA AATATCGGAT CATTTTTAGG ATCTTTACCC GCTTTAGTTG CTACACCGTT	2340
40	ATTAATAACT GCAATATCGA CATCAGATAA AGCACGTGCA GTTTGTTGTG CATCTACTGC	2400
	AGTAATTTTT AAATGTTTTG GATTTGACGT TATATCTTTC ACCGTGCCTG CTAATCCGAA	2460
	ATCTTTTTTC AGTTTTATTA AACCAGCTGC TTCTAATAGT TTAAGTGCAC GTGCTTGGTT	2520
45	TGACACATCA TTTGGAATGA CAACTTTAGC ACCATCTTTA ACCTTTTTGA CATCTTTAAT	2580
	TTTATCTGAG TAAATGCCCA ACGGTGCTAA AACTGTTGTA CTTAATGCTG AAATCTTTGT	2640
	TCCTTTATGC GCCTTTTTAT ATTGATCTAA AAATGCAAAA TGTGGAATG CATTCATATC	2700
50	AATATCACCA TCATTTAATG CTTTATTCGG TAAATTGTAA TCTGAGAAGT GCTTAATCTC	2760
	CACATCAATA TCATCTTTTT TAGCTAATTC TTTAACCTTC TCCCAAGCCT TAGTGTCATT	2820

55

	AAGTGCTACG	ATAACTAACC	CAATCAATCT	TTTCATTCTA	TCAATTCCTT	TCAAAATCTT	2940
	CACTATATAT	CATTAATGTC	TACGTATGAA	TCTAGCTAGA	ACATTCCCTA	GCGTTTGAAT	3000
5	CACTTGACCA	ATAATGACTA	ATACAATAAC	GGTAATAATA	ATGACCGTCG	TATCAAATCT	3060
	TTGATAACCA	TACACTAAAG	CTAAGTCTCC	TATACCACCA	CCGCCAACAG	CTCCTGCCAT	3120
	CGCCGTACTT	CCAATAAGTC	CAATAATCGC	AGTGGTAATT	GCTAATACTA	ACGAACCTAA	3180
10	AGCTTCAGGA	ATTAAAAAAT	ATCTAATGAT	TTGTAGTGGT	GAAGCGCCCA	TCGnTTTCGC	3240
	CGCTTCAATA	ATCCCCTCGT	CTACTTCCAA	TAATGAGTTT	TCAACAAGTC	TTGCAATGTA	3300
	AGGTGCCACA	TATACTGTTA	AAGGCACGAT	GGCAGCAGTC	GTACCAATTG	AAGTACCTAC	3360
15	TACTAATTTT	GTGAATGGCA	CAATCGCAAT	TAACAAAATA	ATAAATGGTA	GTGACCTTAA	3420
	AATATTGATT	AAAGGATTTA	AAACTTGATG	TATCACTATA	TTGGGCCATA	TGCCTTGTTT	3480
20	TCGAGTAATT	ACCAATAAGA	CACCTAATGG	AATACCAATC	ACTGCTCCTA	AAAATAAAGC	3540
	AATAGATACC	ATATATAGCG	TTTCGTACAA	TGCTTGTAAT	AACTGTGCAC	TGTCTAAATC	3600
	AGAACCAAAC	ATATGTTAAT	GcACCTCCTC	AAATTGAATA	TTTTTCTCTT	TGAAATATTG	3660
25	ATTTATTGCC	GTGTCTTCAA	ATTGTTGATC	CATATTAAAT	CGAAGCCACA	TATAACATAC	3720
	GGTGTTACCT	TGTATTTCTG	ACATAGATGA	AAATAAAATT	TTAACCTCTC	TGCCACAAAT	3780
	TTGAATCAAG	TCATTTATAA	TCGGTTGTGT	CACCTGAGTT	TCCTCGACGA	AGATTTTATA	3840
30	ATCTTTAAAA	TCGCCAACTT	GTTTCGTCATT	CAATCGACGA	ATCAATGATG	TACTTGGCTC	3900
	AGTCTGTATA	ACTGTAGACA	CAAAATTTTG	AGCAATCGTC	GTTTTAGGAT	GACTIONACAC	3960
35	CTCTTTAACA	GTTCTTGTTT	CAACCACTTT	CCCCTTTTCC	ATTACAGCAA	CACGATTACA	4020
	AATGTCTTTA	ATAACGCGCA	TTTCATGTGT	AATCATCATA	ATTGTAATGC	CAAAGGTTTG	4080
	ATTGACATTC	TTTAATAACG	TCAATATCGA	AGCAGTCGTT	GCTGGATCCA	ATGCGCTTGT	4140
40	TGCTTCATCG	CATAGGAGTA	TTTTCGGATT	AGTAACAAGC	GCTCTTGCAA	TAGCCACCCT	4200
	TTGCTTCTGC	CCACCAGATA	ATTCATCAGG	AAATTGGTCT	TTTTTATCAC	TCAATCCTAC	4260
	AAATTCAAGC	ATTCCGTTA	CTCGTTGCTT	AATTTCTGTT	TTGCTTTTCT	TACTTAAAAT	4320
45	GAGTGGCATT	GCTACATTTT	TAAATACGGT	AGCTGAATTT	AATAAATTGA	AATGCTGAAA	4380
	TATCATACCG	ATATCTTTCT	TAATATCCCT	CATCATTTTA	TCGCTATAAT	TCGTAATATC	4440
	ATGTCCATCT	ACAATCACTT	GTCCATTCGA	GGCAGCTTCA	AGATGATTCA	CGAGTCTTAC	4500
50	CAACGTACTT	TTTCCTGCAC	CACTATATCC	AATCACACCA	AAAATATCAT	TGCGATTGAC	4560
	CGTAAATGAT	ACGTCCTTCA	AAGCATCTAT	TTTTTGCTTC	TTTTTATTAA	AGGTCTTACT	4620
55							

	TAAGAGCATT ATATGTAAAA TTGCATATAT CGTCAATACA ATTTGCCGAA TTTTCTAAAA	4740
	AATTAAAAAA TAAGTAATTC ATGTGACAAT GACGAATTGT GAGACTACTA TGACATTTAT	4800
5	CAAATTAAAT CCATAAAAAT GTCCACCAAT CCTCCACAAC GCAATTACTA AATATTAACA	4860
	TCGCACAAAA AAGCACTAGC ATATTCAAGA ACAACAAACG TTGAACTCAA AATATATGCC	4920
	AGTGCTGCTA TTATTTATAA AGTATCTAGT GCTTGTTTTA AATCATCGAC TAAATCTTCA	4980
10	GTATCTTCAA TACCTACAGA AATTCTTACA AGTCCGTCTG TAATACCTTC TTTAGCTCGA	5040
	ATATCTGCTG GAATGGATGC ATGTGTCATC AATGCAGGTA CTGAAATTAA ACTTTCCACT	5100
	GCACCTAAAC TTTCAGCTAA TGTGTAATAC GATGTTGCTT TAATCAATTG TTTGGCACTT	5160
15	TCTGTATTTT TCACTTCAAA TGCAATCACA CCTGTATGGC CATCCGCTTG AGCCATATGG	5220
	ACATCATGAT TTAAATGACT TTCAATACTT GGATGGAACA CTTGTTGCAC AGCTGGATGT	5280
20	GCTTGTAACA TTTTAATAAT TTCAATAACG CTGCGATTAA TTTGTTCCAT ACGTAAACCT	5340
	AATGTTTTAA TACCCCTCAC AAGTAAATAG CTATCTTGAG GTCCTAAAAT GCCACCTGTT	5400
	GAATTTGAAA TAAATGCTAA ACGTTCTGCA AGCTTGTCAT CCGATGTTGC AACTAAACCA	5460
25	GCAACGACAT CACTATGTCC ACCTAAATAT TTCGTTGCAG AATGTAAGAC AATATCGATA	5520
	CCTAAATCTA ATGGATTCTG ATAATAAGGT GTCATAAATG TGTTATCAAC AACTGAAATC	5580
	AAACCGTGTT CTTTCGCAAT TTCAGCAGAC TTTTAAATGT CAGTAACACG TAATAATGGA	5640
30	TTAGAAGGTG TTTCAATAAA CAACATCTTT GTTGTTGGGC GTATCGCTTG TACAATTGAA	5700
	TCTGTATGCG TTGTATCTAC AAAATCCACT TCAATGCCAA ATCGTGTAAG TACTTTTGTC	5760
	AATGCGCGAT AAGTACCGCC GTATACATCT GAATTTAAAA TAATATGATC TCCTTTGTCC	5820
35	AACAGCATAA CAACTGCACT GATTGCTGCA ACACCTGAAC TAAATGCAAA GCCATGTTTG	5880
	CCATTTTCTA ATGTCGCAAT AACGCTTTCT ACAGAACTTC TTGTTGGATT CGCAGTACGA	5940
40	GAATATTCAT ATCCTTGACG TAAATCACCA ATATCATCTT GTAAATATGT ACTTGTTTGA	6000
	TAAATTGGTG TTGTAACGGC ACCTGTATAA TCGTCTGTTG TGTGCCCACC ATGAATTAAT	6060
	TTAGTTTTCT TGTTCAATTAT TATTCTCCTC ATAATTAAAT ATTTGCTTAG ACATATATCG	6120
45	ATCACTACCA TCTGGAAATA CGACAACAAT CGTACCTTCA GATAATTGCG CTTTTAAATT	6180
	CAATGCACCT TGTAATGCTG CACCTGaAGA ACTGCCTACT AACAACCCTT CATTTATAGC	6240
	CAAACTTTTG ACATTTTCGAA AGGCATCTTG ATCTTTAATC GTAAATATCC CATCTACAAG	6300
50	ACGTCTCTCT AAAAATATCG GCCATTTCTC AGAACCGATA CCTTCAGTGT CATGTGCATG	6360
	AGCTGGCCCT CCATTTAACA CGGACCCTTC TGGCTCAACG GCATAACATT GCACGTGATG	6420

55

	ATAATCAATT TGCTGTAATG CTGAAGTCAA TTCGGGTCCC AATGTATGAA AATATGTATC	6540
	CGGATTATGT TCGGATTCAA ATTGATTCAT ATAAACGGCA CCATATTTT CAGCATAGGA	6600
5	ACGTGCAGCT AATTGTGCCC CATGCATACC TTCAGACTGA CTCGTCCTTG AACTTCTGC	6660
	ACCAAGCGCT ATCATAATAT TAATCTTTTC TTCTGAAAA CCATACGGCG CAAAGATCTT	6720
	ACATTTCAAA TGATGTCTAT TCGCTGCAAT AGCTAACCCT ATGCCTGTAT TACCAGCAGT	6780
10	CGCTTCAACA ATAGTTTGAC CTGCACGCAC ACGCCCTTCT TGAATTGCCT TCTCTACTAA	6840
	ATATTTCCCG AGTCTGTCTT TAACACTGCC TCCAGGATTC CATTGTTCAA GCTTGGCATA	6900
	AATTTTAACT TTATCATCAC TATAATGTTT TAACAGTACT AATGGTGTAT TGCCaATTAA	6960
15	ATCATAAGTA ATCATAGATG CACCCTCATC TGACATGCCG ATCAAATGAA TGAAACCTTT	7020
	CTTCATGTCT CAATTTTAAT TCTTACTTTT CAGATAAGAA TTATAAACGA CATTTTGTTA	7080
20	TTTTGCAATT ATCTAAGTTT CGATTAATTC AGAACCAGTA CTAAATTTTC AATTCCAAAC	7140
	AAAAAAACAC CTGAGCAACA CAAATACTTG TGTGTCAGAT GCTTCTATAT ATTA ACTAAA	7200
	TAATTGCACG ATAAAGACTA AAATAATAAC GACAGGCATC GCATACTTAA TTAAGTAATA	7260
25	CCAACCACTG AATAATCTAA ATCGATCTTT ACCAAAATAT TGTGTGAATA ATTTTTTATC	7320
	TAATAATTGT CCTACGACAA GCGTAGTACC TAATGCGCCT AATGGCATCA ATACATTCGA	7380
	AACGATGAAA TCCATATTAT CAAAATCGT TCCCGCACCG AATCTTACAT CTTTTAAGAT	7440
30	ACCAAAAGAT AAGGTTGCTG GAATACTAAT GATAAATACT AAAATACTAC CGATCACTGC	7500
	GACTTTTTTA CGTTTTGTAT TGTCATTCTT CGTGAAGTTA GAAACATTTA ATTCTAATAA	7560
	AGAAATAGAT GACGTTAAAG CCGCAAATAA GAACAGCACT AAGAATCCCA AATAGAATAA	7620
35	TGTGCCTAGA TGCATTTGAC TAAAGACCAT TGGCAGTACT TTAAATAATA ATCCAGGCCC	7680
	TTCTTGTGGT TCATAGCCAA AACTATGTAA AGCCGGAAAT ATAGCTAGAC CTGCCAATAC	7740
40	AGATACAAAG ATATTCATAA CAACGATAGA AATAGCTGAT GACTTAATCG TCATGTCTTT	7800
	AGAGGCATAA CTCGCATAAG TAATCATACC TGTAGTTCCT AATGATAACG TAAAGAATGA	7860
	TTGACCTAGC GCAAACAAGA TGCCATCAGC AGTAATCTCT GATACTCTTG GTTGTA AAAT	7920
45	AAATTTTACA CCTTCTAAGA CGCCATCTAA TGTAAAGAC TTAATCACAA TGACGATTAA	7980
	AAAGACAAAC AGCAATGGCA TCATAACTTT CGATGCCTTT TCTAATCCTT TTTCAACACC	8040
	TAACATGACA ATAATCATCG TAGCGAATAT GAATATACCT TGCCCTAGAA CGGTTAACCA	8100
50	AGGATTTGAT ATTACCGCTT CAAAATTCAT TTCTTGGAGA TGATTGATGC GTTGAAATAT	8160
	AACTAATTGC CATAATACTT GTCCGATGTA AATGACAATC CAACCACCGA TAACACTATA	8220
55		

TTTACCAGTT AATTTACTAT ATATTTGTGT TGTATATGTC CGTCCCATT TCCCAACAGT 8340  
 GAATTCCATA ATGAGTAATG GCAACCCAAC AAAAATGGTG AATATTAAGA ACATAGCTAG 8400  
 5 AAAGGCACCG CCGCCATAAA TCCCTGCCAT ATATGGGAAT TTCCACATGG CACCAAGACC 8460  
 GATTGCAGAA CCGGCACTAG CTAAAATAAA TCCAGTTGAT GACTTCCATT GTGATTGTTG 8520  
 TCTTTTCATC ATTCAC 8536

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 279:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4328 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 279:

GCTTTGGCCA TTTTATGTGG CGATTGAGAC AATCtGtKGT TGTCTTATTT GATGTTGTAT 60  
 TTCAACTGGT AATTCTAGTT GCGATTGAAA TAATGGCAAC TTTTCCCAAT CATTAAACAAA 120  
 25 TAATTCAATA CCTGCTATGT CTAATACTTT AGCACGTGCA TCATCAACAA GACGGCGTTC 180  
 CAATTGATTT GCTTCTTCTT TAATACCTGG TGACGTACTT TCTAATATCA AATTAGATAT 240  
 AGGGATGTGA CCATTAATTG CATAATATAA TGCAACACGC CCACCCATTG AATATCCAAA 300  
 30 CAATGTTATT GATTTATCTT TATATTTATC TAAATTCGG TCTAACAACG TCGTAATATA 360  
 ATCAAAATTC CACGTTTCAT CCATTGAAGA CTGATCTTCG CCATGGCCTG GTAAGTCTAT 420  
 AGTGATGACA TGATAGTTAT CAGTAAATTT TTCGATGTGA TTATGATAAG TACGGCTGTC 35 480  
 GCTAAGAAAT CCATGCAGAA ATACTAAAAC TTGATTGGTC TCAACGTTTG CTTCATAAAA 540  
 TTTATAATGT GTCATGAATC ATTTCACTCA ATTTCTGGTA TAAATTTGA TGCTGTTTAA 600  
 40 AGTTATCTTC GCGATTCGTT ATCAATTCAT AAATCGTCGA AGTTTCAGAT AACAATGTGG 660  
 CATTTTAAAA TTCTGAAACA CTGTTAAAAC GTTTAAAATC GAATTGATAT AACTTAGCTG 720  
 TATACTCGAA ATCCAATCCC GTCGGTGTGC CAAACAACCG TTCAAAATAG TCAGTTGCAC 780  
 45 TTTCTTTTTG TGGTAAATAT GAAAAAATAC CGCCACCATC GTTGTTCAAT AATACAATAT 840  
 TCATCTGAAT ATTATTTAAT TTTGACATTA ATAGTCCATT CATATCATGA TAAATGATA 900  
 AATCACCTAT CAATAATGTT ATTCGTTTAT GCACAGCCAT ACCCAGTGCA GTTGAAACGA 50 960  
 TACCATCAAT ACCATTCGCA CCACGATTCG CATAGACATC TATATTTTAA TTCAATAACA 1020  
 AGTTATCTAC ATCTCTGATA GGCATACTAT TACTAATAAA TAATGCATCT TTTTCAGATG 1080



	TAATTTCTTT	ACGCCCTTTT	TTCTCTAAGC	ATTGCCATTT	TTCTAACCAA	CTTACGCGAT	1200
	TAACTGTCGT	GTCTTCCATT	AATGACCTAA	AGAAATCATT	CGCAGAAATC	TCATATGAAA	1260
5	TATCTGGCGC	TATCGGAAAG	ACATCAATCT	TATCATTGTT	TTGCACTAAT	ATTTGAAATG	1320
	CATCAGTTTT	CTTTAACCAT	TGATTTAACT	TTTTAGAAAT	CACTGGTTTC	CCAACACGAA	1380
	TTACGAAATC	CACATTTAAG	TCTAAGCCGC	TTCTAAACAG	CAAATCATAT	GTACAGATAA	1440
10	CATTCGGATG	ATCAAATTTT	CTTAAATGAC	TTAAAGGATC	AGCTAAAATA	GGCAAATCAT	1500
	ATATCGTTGA	ATACGTTAGT	ATTTGaTCAA	CTTCTTGGTG	CTGCATATCC	CCTACAATAA	1560
	TTAAACCTTT	TTTCTTATTT	AAAATGTGTC	TTAATGCCGA	TGCATCTATA	CTTTTTTGAT	1620
15	AGTGCGGTAA	AATCTTCATC	TCAGAAGTTA	ACAATTCTGT	TGCATTCAA	TCAGGTGTTA	1680
	ACGGATCTCT	AAATGGCAAG	TTAAAATGAA	TTGGCCCTTT	ATGTGGTCCA	TATAAATATT	1740
20	GACTAGCAAT	TTGCATTTGA	TAGTAAATTG	CATCAATGGT	CTCTTTACTA	TCATCCGCAA	1800
	TAGGCATATC	GAATCATAA	CTTACATAAT	TATTAAACAT	ATTTACTTGA	TTAATCGCTT	1860
	GTGGTGCGCC	TACACTTCTT	AATTCATGCG	GACGGTCACT	TGTTAAAACG	ATTAAAGGAA	1920
25	TTCTACTAAT	TTGGCTTTCA	GCAATTGCAG	GCGTATAATT	CGCTGCTGCT	GTACCTGACG	1980
	TACATAATAT	AGCGACAGGT	CTTTCACTGC	CTTTAATTAA	CCCAACTGCA	AAAAACGCTG	2040
	CACTTCGCTC	ATCGGGGTGT	ATCCATGTTT	TAATATTTGG	ATGTGCTTCA	AATGCAAGTG	2100
30	CAAGTGGCGT	TGAGCGTGAT	CCCGGACTGA	TAAGTACTTC	CCTTACGCCG	TACGCATATA	2160
	ACTCAGATGC	AAATGTAAAA	ACTTGCTTCG	TTAAAGCTGC	TTTATGATTT	CCCATTCTATA	2220
35	TCGACTCCTA	ATGCATTCAT	CATAGGTGTG	AACTTAAGGT	TCGTTTCTGC	CAATTCACTA	2280
	TCTGGATCAG	AATCTTTAAC	AATGCCACAC	CCAGCAAATA	AAGTTGCTTG	TGCTTTCTTA	2340
	ATAAGCATCG	AACGAATTGC	AACAATAAAT	TCACAATCAT	CGTATATATC	TATATAGCCA	2400
40	ACCGGTGCAC	CATATAATCC	TCGCGTACCA	AATTCTTTCT	GCTCAATAAA	ATCCATTGCA	2460
	AATTCTTTTG	GATAGCCACC	TAAAGCAGGT	GTTGGATGTA	AATTATCAAT	TAAACTAATA	2520
	TACGAATCAT	CCTTCAGTGG	CGCCTTTATT	TCAGTGTACA	AGTGATATAA	ATGATCATT	2580
45	TTTAGAATTT	TAGGCGTCTT	ATCATAATGT	AATTCAGTGA	TATAAGGTTT	AATATCATGT	2640
	AAAATACTGT	CAACAACAAA	TCGATGTTCG	ATTAAGTTTT	TATTATCTTT	TAAAAATGCT	2700
50	TCAACATTTT	TTGTATCTTC	GTCCTCATCT	TGTGAACGTT	TAATTGTACC	TGCTACAGCT	2760
	TTAGTCGATA	GTATTTTATT	ATTGACCTTT	ATTAATTGTT	CAGGTGTTTG	TGAAAAGAAT	2820
	ATAGAATCTT	GTGATTCTAA	CAAGAATATA	TAACTGTTTT	TTTCTTTAGA	ATATGCTTGC	2880

55

ACAATTTTTT CTCATTATT AATAGATTCT ATAGCTTCTA CTACAAGTTG ACGCCAGTCA 3000  
 TCTTTATAAA TATCTTCATT TCTAGTAATT TCCCCAATTT GCTCGTCCAC ATCTATGTCC 3060  
 5 GATATATTGT TGAACAAATC CATTAAATCG TTCAATGCCT CAACAGTAAA ACTTTCCTT 3120  
 TTAAGTGTAT AAGTTAAAAA TGTCCCATTA TTATCAGTTG AAATTAAAAAC TTCAGGTAAT 3180  
 ACAAATGAT TTAGTCCAAA CTCTCGCCAT TCATCATCTG ATTTATGACT TGAAAATTGG 3240  
 10 AACCTCCAA CAACTCGAAG ATGATGTTTC TCAGATTGCG GATGTATAAA TGTGATGTTA 3300  
 TGTTTTAATT TTTCCAGTC TTAAAAATA GATTGTTTAT TTTTAGAATT ATTTTGAAT 3360  
 AATTGAATTG CTTTGTAGCC AAAATATGAC GTTCGATTAT CATTCAAACG CATATAAAAG 3420  
 15 CGATCTCCTG CCTCATTGTC AGTGAGATGA AATAATGTGC TCGGGTCTAG TGAAGTGTAT 3480  
 AATTTCACTT CAACTGAAAC CCATTCCTTT GAGCTGCCAT ATATCTCTTT GACAATATCG 3540  
 20 TCCTCTAATA CGCCCGTAGC CATCCATTTT ACTTCTTTCT TCGTCTTTTT TCACTCATTA 3600  
 TTATATTGTA TCATTTTTGG ATAATTGTGT TACAAGAATT GCTTAAACTT ATCTTGCAAT 3660  
 TTTTCACGTC AATTGACCTT TATGCTACTT TCTATTAAAA TATCTTTGTT ATAAAAATA 3720  
 25 TGATTAAAG AGGTTTTGTA TTCAATGAGT AATCAATATC AGCAATATTC TACAGTTAAG 3780  
 AAATATTGGC ATTTAATGCG TCCTCATACA TTAAGTCTT CCGTAGTACC CGTTTTAGTT 3840  
 GGTACAGCAG CATCTAAAT ATATTTTCTT GGTAGCGAAG ATCATATTAA AATCAGCCTA 3900  
 30 TTCATTGCCA TGTTACTAGC ATGCTTACTT ATTCAAGCAG CAACTAATAT GTTTAATGAA 3960  
 TACTATGATT ATAAAAAAGG CCTCGATGAT CATGAATCTG TAGGCATTGG TGGTGCCATT 4020  
 GTTCGCAACG GTATGAGCCC AGAGCTTGTG CTACGATTAG CCATTGCATT TTACATCTTA 4080  
 35 GCAGCAATAT TAGGTTTGTT TTTAGCTGCT AACTCTTCAT TTTGGTTATT ACCAGTTGGA 4140  
 TTAGTATGTA TGGCTGTTGG TTACCTATAT ACAGGTGGCC CTTTCCCTAT TTCATGGACG 4200  
 CCTTTCGGTG AATTATTCTC AGGCGTATTT ATGGGTATGT TTATTATCGT TATTGCATTC 4260  
 40 TTTATTCAAA CTGGCAATAT TCAAAGTTAT GTAATTGGT TAAGTGTACC TATAGTAATC 4320  
 ACTATCGG 4328

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 280:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1450 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

	GTTCAATACA GAAAAAATAA ATTTAGATGT TGAAGCATCC TACAATTAAT ACAGATCCAT	60
	TTCAATATAT TTAAACTAAA ATCTCGGGAT TTCTAAATTT TGAAATTTTCG AGGTTTTnAT	120
5	ATTTTTATTT AAAATAGCAC ATTTATACTT TATAATAGTA AAGATGAACA TATAAGGAGG	180
	CCAAATCATG GCAAAACATC CATTGGAACA ATTTAATCTA GAATCTAGTT TAATTGACGC	240
	TGTGAAAGAC CTTAATTTTG AAAAACCAAC TGAAATTCAG AATCGAATTA TTCCAAGAAT	300
10	ACTAAAGAGA ACAAATTTAA TTGGTCAATC TCAAACGGGT ACAGGGAAAT CTCATGCATT	360
	TTTATTACCA TTAATGCAGT TAATTGATAG TGAAATAAAA GAACCACAAG CAATCGTAGT	420
15	TGCACCAACA AGAGAACTTG CACAACAAC ATACGATGCA GCGAACCATT TAAGCCAATT	480
	TAAAGCTGGT GTTTCAGTTA AAGTTTTTAT TGGTGGTACA GATATAGAGA AAGATAGACA	540
	ACGTTGTAAT GCACAACCAC AATTGATTAT AGGCACCCCT ACTAGAATTA ATGACTTAGC	600
20	TAAAACGGGA CATTTACATG TGCACCTAGC ATCATATTTA GTTATTGATG AAGCGGATCT	660
	TATGATTGAC TTAGGATTAA TTGAAGATGT AGATTACATT GCTGCAAGAT TGGAAGATAA	720
	TGCAAATATT GCGGTGTTTA GTGCTACAAT CCCACAACAG TTACAACCAT TTTTAAATAA	780
25	ATATTTAAGT CATCCAGAAT ATGTAGCTGT CGACAGTAAA AAACAAAATA AAAAGAACAT	840
	CGAATTCTAT TTAATACCTA CTAAAGGTGC AGCTAAAGTT GAAAAGACTT TAAATTTAAT	900
	TGATATACTA AATCCATACT TATGTATTAT TTTCTGTAAT AGTAGAGATA ATGCAAATGA	960
30	TTTAGCACGT TCACTAAATG AAGCTGGTAT TAAAGTTGGT ATGATTCATG GTGGCTTAAC	1020
	GCCaCGTgAA CGTAAACAAC AAATGarACG TATACGTAAT TTaGAATTCC aATACGTTAT	1080
35	TGCCaGCGAT TTAGCATCTC GTGGTATTGA TATTGAAGGT GTTAGTCrTG TCATCaATTT	1140
	TGATGTGCCA AATGATATTG ACTTCTTTAC GCATAGAGTC GGACGAACTG GTCGTGGGAA	1200
	TTATTrAGGT GTAGCAATTA CGCTTTATAG TCCTGATGAA GAACACAATA TTTCATTAAT	1260
40	AGAAGATCGC GGTTTTGTAT TCAATACTGT TGATATTAAA GATGGTGAGT TAAAGAAGT	1320
	TAAAGCGCAC AATCAGCGTC AAGCAAGAAT GCGCAAAGAT GACCATTTAA CTAATCAAGT	1380
	GAAGAACAAA GTTCGAAGTA AAATTAAAAA CAAAGTTAAA CCAGGTTATA AGAAGAAATT	1440
45	TAAACAAGAA	1450

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 281:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 50 (A) LENGTH: 1139 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

55

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 281:

5 AGTCAGGTAT ATCATGCCaT yCTGAATTGG TCGATATTAA TATCAGTGGT GTTAAAGAAC 60  
 GAATTGTATA CCAATAGACG CTTTATATTG TAAAATAGTA TTAAATGCaG AATAGAGAGG 120  
 AGATTTAATG CGATATGACA AATTATAAAG TTGTCGTTTT AGATATGGAT GACACATTGC 180  
 TAAATTCAGA TAATGTGATA TCAGAAGAAA CTGCAAATTA TTAAACAGCA ATTCAAGATG 240  
 10 AAGGTTATTA TGTTGTTCTA GCATCTGGTA GACCTACTGA AGGTATGATT CCAACTGCTA 300  
 GAGATTTAAA ATTACCTGAA CATCATAGCT ATATTATTAG TTATAACGGT AGTAAAACGA 360  
 TTAACATGAC TAATGAAGAA GTAGAAGTAA GTAAATCGAT TGGTAAGCAA GATTTTCGATG 420  
 15 AAATTGTAGA TTATTGTCTG GATAGAGGCT TTTTCGTTCT TACATATCAT GATGGTCAAA 480  
 TTATTTaCGA CAGCGAACAT GAGTATATGA ATATTGAAGC AGAATTAACA GGTTTACCGA 540  
 20 TGAAACGTGT TGATGATATC AAAGCGTATA TTCAAGGCCG TGTACCCAAG GTCATGGGTG 600  
 TAGATTATGT AGCGAATATT ACAGAAGCTA GAATTGATTT GAATGGTGTG TTCAATGATA 660  
 ATGTAGATGC TACGACAAGT AAGCCATTCT TCTTAGAATT TATGGCCAAA GACGTTTCAA 720  
 25 AAGGTAATGC AATTAAAGCG TTATGTCACA AATTGGGATA TTCGGTGGAT CAAGTCATTG 780  
 CTTTTGGTGA TAGTATGAAT GATAAATCAA TGTTTGAAGT CGCAGGTCTA GCTATTGCTA 840  
 TGGGGaATGC ATCAGATGAA CTTAAGCAAT ATGCAAATGA AGTTACGTTG GATCATAATG 900  
 30 AAAATGGTAT TCCACATGCG CTCAAAAAAT TGTATAAAT TTAAAATAA GCCTTAACAC 960  
 ATGATATTTG AATAAGATAT CTTGTGGTTA AGGCTTTTTA TTTTGTGAA AATGACTTCA 1020  
 35 GTTATACTAT GGAGGATTTG AAATACATAT TTTAGATTAG TAATGATATC AAACGAATAG 1080  
 AGTAAATGTA TATTTtTGTA ATAAATCAAG TATTAAGTAG TCACGGAAGG nAGATAAAT 1139

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 282:

40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 2931 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 282:

50 TCTAAAAATG CTGTGAAATT CTTTATAAAA TATCTAAAAG GAATTAATGT TGATAACATT 60  
 GCTGTGATAG GAAGTAAGAC ACGCAATAT TGTGAATCAC TTGGCATTCT AGTTGATTTT 120  
 AtGCCAAACG ACTTTTCTCA AGAAGGATTT TTAAATCAT TTAATCAAAC TAACCAAAAA 180

55

	AATGAAGTTG TTAAAATAGA TTTATATACT TCAGTGCCTA ACAAACAAA TATACAAGAT	300
	GTAAAGAAA TGATAGAACA TCAACAAATC GATGCATTAA CATTTTCAAG TTCGTCGGCA	360
5	GTACGTTATT ATTTAATGA AGGATTTGTA CCAAATTCA AGTCGTATTT TGCTATTGGA	420
	GAACAAACAG CACGGACCAT TAAATCATAT CAACAACCAG TAACAATTGC AGAAATTCAA	480
	ACACTCGAAT CACTAATTGA AAAGATTTTA GAAAGTAGGG GCTAAAAATG AAATTTGATA	540
10	GACATAGAAG ATTGAGATCA TCAGCGACAA TGAGAGATAT GGTAGAGAG AATCATGTAA	600
	GAAAAGAAGA TTTAATATAT CCAATTTTGT TAGTTGAAAA AGACGATGTG AAAAAAGAAA	660
	TTAAGTCATT GCCAGGTGTA TACCAAATCA GTTTGAATTT ACTTGAAAGT GAATTAAAAG	720
15	AAGCTTATGA CTTAGGCATA CGTGCCATTA TGTTTTTCGG TGTTCCAAAC TCAAAaGATG	780
	ATATAGGTAC TGGTGCATAC ATTCACGATG GTGTTATTCA ACAGGCAACA CGTATTGCTA	840
20	AAAAAATGTA TGATGACTTA TTAATTGTTG CAGACACTTG TTTATGTGAA TATACTGATC	900
	ATGGTCATTG TGGCGTGATT GATGACCATA CACATGACGT TGACAATGAT AAATCATTGC	960
	CACTACTTGT TAAAACAGCA ATTTCTCAAG TGGAAGCTGG TGCTGATATT ATTGCGCCAA	1020
25	GTAATATGAT GGATGGTTTT GTTGCTGAAA TTCGTCGTGG ATTAGATGAA GCCGGCTATT	1080
	ACAATATTCC TATAATGAGT TATGGTGTCA AGTATGCATC AAGTTTCTTT GGACCTTTTA	1140
	GAGATGCAGC AGATTCAGCG CCATCATTTG GGGATAGAAA AACGTATCAG ATGGACCCTG	1200
30	CTAACCGTTT GGAAGCACTT CGTGAATTAG AAAGTGATCT TAAAGAAGGG TGCGACATGA	1260
	TGATTGTTAA ACCTGCTCTA AGTTATTTAG ATATAGTTTCG AGATGTTAAA AATCATACGA	1320
	ATGTTCCAGT TGTTGCATAT AATGTGAGTG GAGAATATAG TATGACTAAA GCAGCGGCAC	1380
35	AAAATGGTTG GATAGATGAA GAACGTGTCTG TTATGGAACA AATGGTTTCA ATGAAACGTG	1440
	CAGGTGCTGA TATGATTATT ACGTATTTTG CAAAGGACAT TTGTCGCTAT TTAGATAAAT	1500
40	AAGGTTTTAT ATTTATGATT TTCCATAAAC TGTAGGAGGA ATTTACTTTA TGAGATATAC	1560
	GAAATCAGAA GAAGCAATGa AGGTTGCTGA AACTTTAATG CCTGGTGGTG TAAATAGTCC	1620
	AGTACGCGCA TTAAATCAG TAGATACACC AGCAATTTTT ATGGATCAGG GTAAAGGTTT	1680
45	AAAAATTTAT GATATCGATG GTAACGAGTA TATCGACTAT GTACTAAGTT GGGGACCACT	1740
	TATTTTAGGA CATAGAGACC CTCAAGTTAT TAGTCATTTA CATGAAGCAA TTGATAAAGG	1800
	TACAAGTTTT GGTGCATCAA CATTACTTGA AAATAAATTG GCGCagCTCG TTATTGACCG	1860
50	AGTACCTTCA ATAGAAAAAG TGCGTATGGT GTCATCTGGT ACAGAAGCTA CATTGGATAC	1920
	TTTAAGATTA GCACGTGGTT AACTGGCAG AAATAAAATT GTGAAATTTG AAGGTTGCTA	1980

55



GCCGGATTCT CCTGGTGTGC CTGAAGGTAT TGCTAAAAAT ACAATTACAG TTCCATACAA 2100  
 TGATTTAGAT GCACTTAAAA TCGCTTTCGA AAAATTTGGA AACGATATTG CTGGTGTAAT 2160  
 5 CGTAGAACCT GTTGCTGGTA ATATGGGTGT CGTACCGCCG ATTGAAGGTT TTTTACAGGG 2220  
 ATTAAGAGAT ATTACGACTG AATACGGCGC ATTGCTAATT TTCGATGAAG TAATGACTGG 2280  
 TTTTACAGTC GGTTATCATT GTGCACAAGG TTTCTTTGGT GTGACACCAG ATTTAACTTG 2340  
 10 CTTAGGAAAA GTTATCGGTG GAGGACTACC TGTAGGTGCA TTTGGTGGTA AAAAAGAAAT 2400  
 CATGGATCAT ATAGCACCAT TAGGAAATAT TTATCAAGCG GGTACGTTAT CAGGAAATCC 2460  
 TCTTGCAATG ACAAGTGGTT ATGAAACGTT AAGCCAATTA ACGCCAGAGA CATATGAGTA 2520  
 TTTTAATATG TTAGGCGATA TACTTGAAGA CGGTTTAAAA CGTGTATTTG CTAAACACAA 2580  
 TGTACCAATA ACTGTAAATA GAGCAGGTTT AATGATTGGT TATTTCTTAA ATGAAGGACC 2640  
 20 TGTAATAAT TTTGAACAAG CGAATAAAAG TGATTTGAAA TTATTTGCAG AAATGTATCG 2700  
 AGAAATGGCA AAAGAAGGTG TGTTTTTACC ACCATCTCAA TTTGAAGGTA CATTCTTATC 2760  
 TACGGCACAC ACGAAAGAAG ATATTGAAAA AACGATTCAA GCATTTGATA CGGCTTTAAG 2820  
 25 TCGTATTGTA AAATAAATAT ACGGACAAAT TGAGAGCCTG AACTTTGTTC AGGCTCTTTT 2880  
 TAAATGTATA TAAGGCATGG GCGGCGACTT GATAGTGAAA GTCCACTACT A 2931

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 283:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1421 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 283:

AATTATGAAT GCATTACCAG TATTATTACA AAAGAACAAT TAAAAATGTT TGTATTATGAT 60  
 TATGATACGC ATCTCATTAA AAATGTAAATG GTTGCAGCAG ACGTGTAAAA GGCAAATGAT 120  
 ATTCAAGGAC ATGAACCATT AATCGTTAAC CTTCAAACGA TTGATGAAAC ATTACATCGT 180  
 45 TTACCTATGC ATAATAGAAA AGACATGATG GTTAATGGCG GTGTACTTAT GGCACATTTA 240  
 AATGCCAAAA GTGGTCCGTG GTTAAAAGAT GTGCTAAGAC AAATTGAGAT AGCGATTGTA 300  
 50 ACAGGTAAAG TAAGCAACGA AGAACTGAA ATTTTGAAAT GGGTGGATAA TCATGTCAAA 360  
 ATATAGTCAA GATGTACTTC AATTACTCTA TAAAAATAAA CCGAATTATA TATCTGGACA 420  
 AAGCATTGCG GAATCACTTA ATATTTACG CACTGCAGTA AAAAAAGTGA TTGACCAATT 480

CCCAGATATT TGGTATCAAG GTATAATAGA CCAATATACA AAAAGTTCTG CTTTGTGTTGA 600  
 TTTTAGTGAA GTATACGATT CAATAGATTC TACACAACTT GCTGCGAAAA AGTCACTTGT 660  
 5 TGGAAATCAA TCTTCATTTT TTATCTTGAG TGATGAACAA ACGAAAGGTC GTGGGCGATT 720  
 TAATAGACAT TGGAGTTCTT CAAAAGGGCA AGGACTTTGG ATGTCTGTCTG TGTAAAGACC 780  
 10 TAACGTTGCA TTCTCAATGA TATCTAAATT TAATTTATTT ATTGCATTAG GGATAAGAGA 840  
 TCGGATTCAA CATTTTAGTC AAGATGAAGT CAAAGTGAAA TGGCCGAATG ATATATTTAT 900  
 TGATAATGGT AAAGTGTGTG GTTCTTAAC TGAAATGGTT GCTAATAATG ATGGTATAGA 960  
 15 AGCAATAATA TGTGGTATAG GTATTAATTT GACGCAACAA CTAGAAAAC TTTGATGAAAG 1020  
 TATTAGACAT AGAGCAACAA GTATACAATT ACATGATAAA AATAAATTAG ATAGATATCA 1080  
 ATTTTITAGAG ATATTACTTC AAGAAATTGA AAAAAGATAT AATCAATTTT TAACGTTACC 1140  
 20 TTTTCTGAA ATTCGTGAAG AATATACTGC AGCTTCTAAT ATTTGGAATA GAACGTTGCT 1200  
 ATTTACAGAA AATGATAAAC AGTTTAAAGG ACAAGCAATT GATTTAGATT ACGATGGCTA 1260  
 TCTAATTGTT AGAGATGAAG CGGGTGAATC ACACCGTTTA ATTAGTGCAG ATATAGATTT 1320  
 25 TTAACACTAA AGCAAGGAGA GATAGCTATG GGTATGGCAA CCTATGCCGT TGTGGATTTG 1380  
 GNAACAACAG GCAACCAATT AGATTTTGAC GATATCATT C A 1421

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 284:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2202 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 284:

CCAAGTTGCC TAAATGATT AAGCAAGGTT TATACCCTAT GCAACGATT GAACAAGAAT 60  
 CTGGAGCCAT CCGACTGCCA ACGATTTCTA GAGTGAGCG TTCATTACAA TGGGGTAATG 120  
 45 ATGCTTATAC AATGATTTTA GATCGTATGA ATATTGAAAC AAATGAATAA TAAATGAACG 180  
 ATAAACAATG GTTATCTATC TGCACTAATA AGGTAGATAA TCATTGTTTT TTCACGAAAA 240  
 AATTTACAGA GTAAAAGAAC TTAAATTTCA TATTAAGTCT TTAGAACTCG ACACTTAAAA 300  
 50 ATGCTATAAT CATATGTATG TTAAAAAGG AGTTTCGGAA AATGTATGAC ATTAAAAAAT 360  
 GCGCCATAT TTTTAAATTA GACCCAGCTA AACATATTTT AGATGATGAT TTAGATGCGA 420  
 TTTGTATGTC TCAAACAGAT GCAATTATGA TTGGTGGAAC TGATGACGTT ACTGAAGATA 480

	CAAACATCGA AAGTGTAATG CCTGGTTTTG ATTcTTATTT TGTACCTACA GTACTGAACA	600
	GTACAGATGT TGTATTTTAC AATGGTACAT TATTAGAAGC GCTTAAAACA TATGGACATA	660
5	GTATAGATTT TGAGGAAGTA ATATTTGAAG GGTATGTCGT GTGCAATGCT GATAGCAAAG	720
	TGGCAAAACA TACCAAAGCA AATACAGATT TAACAACAGA AGATTTAGAA GCATATGCCC	780
10	AAATGGTCAA TCATATGTAT CGATTACCGG TTATGTATAT AGAGTATAGT GGCATTTATG	840
	GCGACGTATC AAAGGTTCAA GCTGTCTCAG AACATCTAAC AGAAACGCAA CTTTTTTATG	900
	GTGGCGGTAT TTCCTCAGAA CAACAAGCGA CAGAGATGGC AGCTATTGCA GATACAATTA	960
15	TCGTCCGTGA TATTATTTAT AAAGATATTA AAAAAGCTTT AAAAACAGTA AAAATAAAGG	1020
	AGTCTAGTAA ATGAATGCGT TATTAAATCA TATGAATACA GAGCAAAGTG AAGCTGTAAA	1080
	GACAACAGAA GGACCATGTG TAATTATGGC AGGTGCTGGT TCAGGGAAGA CACGTGTTTT	1140
20	AACACATAGA ATTGCTTATT TATTAGACGA AAAAGATGTC TCACCATACA ATGTTTTGGC	1200
	TATTACTTTT ACAAATAAAG CTGCAAGAGA AATGAAAGAA CGTGTTCAAA AATTAGTAGG	1260
	TGATCAAGCA GAAGTTATTT GGATGTCAAC ATTCCACTCA ATGTGTGTTT GTATTTTACG	1320
25	TCGTGATGCA GATCGAATTG GTATAGAACG CAATTTTACG ATAATTGATC CTACAGACCA	1380
	AAAATCTGTT ATTAAAGACG TCTTAAAAAA TGAAAATATT GATAGTAAAA AGTTTGAACC	1440
30	TCGTATGTTT ATCGGTGCGA TCAGTAATTT GAAAAATGAA CTTAAAACAC CTGCAGATGC	1500
	TCAAAAAGAA GCCACAGATT aTCACTCgca AwTGGTaGCA ACgGTTTaTA GTgGATATCA	1560
	ACGCCAATTG TCACGTAATG AAGCGTTAGA TTTTGATGAC CTTATTATGA CAACGATTAA	1620
35	CTTATTTGAG CGTGTACCAG AAGTTCTAGA ATATTATCAG AACAAATTCC AATATATTCA	1680
	TGTAGATGAG TATCAAGATA CTAATAAAGC ACAATACACA TTAGTTAAAT TATTAGCAAG	1740
	TAAGTTTAAA AACTTATGTG TTGTAGGTGA CTCAGATCAG TCAATTTATG GTTGGCGTGG	1800
40	TGCTGATATT CAAAATATCT TATCATTGTA AAAAGACTAT CCAGAAGCGA ATACAATCTT	1860
	TTTAGAGCAA AATTATCGTT CGACGAAAC GATTTTAAAT GCGGCTAACG AAGTGTTTAA	1920
45	AAATAATTCT GAACGTAAGC CAAAAGGACT GTGGACTGCA AATACGAATG GTGAGAAAAT	1980
	TCATTACTAT GAAGCAATGA CGGAACtGAT GAAGCGGAAT TTGTAATACG AGAAATTATG	2040
	AAGCATCAAC GTAATGGTAA GAAATATCAA GATATGGCAA TTTTATATAG AACGAATGCA	2100
50	CAATCACGTG TACTTGAGGA AACATTCATG AAATCTAATA TGCCATACAC AATGGTTGGT	2160
	GGCCAAAAGT TCTATGACCG TAAAGnAATC CAAAGATTTA TT	2202

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 285:

55

- (A) LENGTH: 785 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 285:

10 AGTGGTGCAA AGATAGGCAT TGATAATACC GCTAAGCCAG CAAGATGATG GCACGATAAA 60  
 ACCTAAACAG AAGAATAA ATAGTAATAC GATGATAAAT AATGGTCCAC TCATATGTTG 120  
 AACTAAAGAT GATGAAAAGT GTAAGATTGT ATCTGAAATC ATACCTTCAT TCAACACTAA 180  
 15 ATTAATACCT CGAGCTAAAC CAATAATTAA AGATACACCT ACTAAACTTG ATGCACCATT 240  
 GACAAATGCA TCTACAGTTC CTTTTTCTCC CAATCCAGAT TTACCTGTCC CAGCAATAAA 300  
 CATTATTATA ATTGTAAATA TTAAAAATGC TGAAGCCATA ACTGGGAACC ACCAACCTTG 360  
 20 CGTCATAACT CCCCATACCA TAATTGGAAA TGGTAGTACA AATAATGTAA GGATTATCTT 420  
 CTTACGCAAA GTAAAATGGG CACTATCGTC ATCTTTTAAT ACAGACCATT GCTGTTCAAA 480  
 AGCATCTTTG TCTTCATAAG AATATGACGC TTTAGGATCG TTTTAAATTT TTTTACAGTA 540  
 25 CCAATATAAA TAACTAATAA CAAAATCGC ACCGACAATA CAAGCACCTA TTCTCCAATA 600  
 CAAGCCATCC GTAAAAGTTG TACCAGCGGC ATTAGAGGCA ATTACAACCG AGAACGGGTT 660  
 AATAGTTGAA AATGTACTAC CGACAGAGCT GGCAAGGAAT ATGGCACCAA CTGGAAACGA 720  
 30 TAGAATCGTA TCCTAACGCT AATAAATATA GGGACTAAAA TCGGATAAAA TGCTACAGCT 780  
 TCTTC 785

35

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 286:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 812 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

40

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 286:

45

50

55

CTAACGnGAT AAGGTTGCAA nTTTATCTGA ACATCTGATG ACTGTAATTT TGTtAATGAT 60  
 AAAATATTTG TCACTAATAG ATATAAATAC TGACTTTCTT GAAAACTATG TACAAGTAAT 120  
 TGTTCTTTT CTATGATAGA CATATCTTTA CTATGTGATA CTAAAATATC TAAATkTCCC 180  
 ATAATTGTTG TTAACGGTGT ACGTATGTCA TCGGAAATTG ATCTTAAAAA ATTTGAATGT 240  
 GTCAGTTGAC GTTCAGCCTG TAACATGGAT TCTCTCGTTT GTTTAAGTAA CGTCACATT 300

ATCACTTGAG AACTTTGGTA ATCAATGGCT AGAATGCCTT TAATCGGAGA TGTGCCAATT 420  
 GGTATCAACC ATTTATTAAT GCCTGGAAAT GTATCTGTTG TTGCACCAGC TTGTCTTTCA 480  
 5 TTTTAAATTA CCCAGCTTAA TGCTTGTTCA TGCTGTTGAG TCGTATTATC GATATGGTTT 540  
 TGCAATGGTA TTGTTTAAAT TACTTTTCGAT TGATTGATAA CGTATATAGT AATTGATTGT 600  
 TGCAATAATT GATTAAATTTG GTATCCAGCA TTTATTAGTA AGTTTTCAAC TGTATAAGTT 660  
 10 TGTTTAATCG AATCATTAAA TTGAAATAAT AAATCTGTAC GATAAAGTTG CTTTTTAGTA 720  
 ATGGaGTAWT GGAATTTAAT TTGTnTTAAT AAAGCACTCG TTAAAATACT TGTnAAAATG 780  
 CTAACGATAA ATGTAATAGG ATAGTCAAAG CG 812  
 15

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 287:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1732 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 287:

ATnnATTATT ATTACTGCTA TTTTAAATTT TAAAAAATGC TTTTGATTAT ATTCAACAnT 60  
 TTGTATAAAA TTAAATTTGC TTTTGATTAA AGCATGAAAA TTGTAATCAA ACCATAAATT 120  
 30 GTCGTATGAT GTAGTTAGAA TTTTAAATG CAGGAGGTCa AGTATATGAC TGAAATaACA 180  
 TTCAAAGGTG GACCAATCCA CTTAAAAGGT CAACAAATTA ATGAAGGTGA TTTTGCACCT 240  
 GATTTTACAG TGTTAGATAA TGACTTAAAT CAAGTAACAT TAGCAGATTA TGCTGGTAAA 300  
 35 AAGAAATTAA TTAgtGTGGT ACCATCAATT GATACAGGTG TTTGTGATCA GCAGACTCGC 360  
 AAATfCAACT CTGATGCTTC TAAAGAAGAG GGGATTGTGC TTACAATTTc AGCAGACTTA 420  
 CCATTTCGCAC AAAAAAGATG GTGCGCTTCA GCAGGTTTAG ACAATGTCAT TACATTAAGT 480  
 GACCACCGTG ACTTATCATT TGGTGAAAAC TATGGCGTTG TTATGGAAGA ACTTCGCTTA 540  
 TTAGCTCGTG CAGTATTTGT ATTAGATGCA GATAATAAAG TTGTTTATAA AGAAATCGTT 600  
 45 AGTGAAGGTA CTGATTTCCC AGATTTTGAT GCTGCTTTAG CTGCATACAA AAATATTTAA 660  
 TCATTAAAGA GATAAATCTT AAAATGTATA CATCGTGTCC ATCGTTGTCA ACAGCATTAA 720  
 AATAGAATTG TTTTCTATGA TTGCTAAGAC CTATGGGCAC TTTTATTGG AGAGGGACGA 780  
 50 ATATGGCAGA ACAACAAACA ATTATGGAAC GCTTGTTTCA TACATTAGAT GAAAAAGCTA 840  
 AAACATTAAA TAATGAAAAT GGCCaAAGTT TTATTGAAAA TCTTGGGCTA GCAATGGAAC 900



CATTCCAATT TGCATATTTA AGTTTAATGC aGGAAGAAAA GATAcAAGCA AATCATCAAA 1020  
 TTACACCAGA TTCAATTGGA TTGATACTAG GATTTTtagT TGAGCGTTTT ATGAACAACC 1080  
 5 AAGAAGAATT ACATATTGTT GATATTGCAA GTGGTGCCGG TCATTTAAGT GCTACTGTAA 1140  
 AAGAAGTGTT ACCTGraAtT GcGGTTATGc ATcATTTaAT TGaAGTTGAt CCAGTTTTAT 1200  
 CACGTGTTAG TGTACATTTA GCAAACtTCT TAGAAATTCC TTTcGATGTG TATCCTCAAG 1260  
 10 ATGCCATCAT GCCACTACCA TTAGAAGAAG CAGATATCGT TATTGGTGAT TTTCCAGTAG 1320  
 GCTATTATCC AATTGATGAA AGAAGTAAGG AGTTTAAGCT AGGTTTTGAA GAAGGACATA 1380  
 15 GTTATTCACA TTATTTATTA ATAGAACAAG CAATAAATGC ATTAAAAGAT GCTGGATATG 1440  
 CCTTTCTAGT GGTACCAAGT AATATTTTTA CAGGTGAACA TGTA AACAG CTTGAAAAAT 1500  
 ATATTGCAAC AGAGACAGAG ATGCAAGCAT TTTTAAATTT ACCACCAACT TTATTTAAAA 1560  
 20 ATGAAAAAGC GCGAAAATCT ATATTAATTT TACAAAAGAA AAAATCGGGT GaAACAAAGC 1620  
 CAGTTGAAGT ATTATTGGCA AATATTCCTg ATTTcAAAA TTCCTTCACC AATTTCCAAG 1680  
 GATTTATGGA CAGAGTTAAA ATCCAGTGGG ATGGGACCAC CAAATCGTCC TA 1732

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 288:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2779 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 288:

AAAAGAACTA GCTAAACGCA AGCAAGAAGC TATTAGTAGA ATTAAAGACT TTTCAAATGA 60  
 AAAAATAAAT AGTATTCGAA ATAGTGAAAT TGGCACAGCT GATGAAAAAC AAGCAGCAAT 120  
 40 GAATCAAATT AACGAAATTG TGCTTGAAAC AATTAGAGAT ATTAATAATG CGCATAcATT 180  
 ACAGCAAGTT GAGGCTGCAT TGAACAATGG TATTGCTCGA ATTTcAGCAG TACAAATTGT 240  
 AACATCTGAT CGTGCTAAAC AATCGTCAAG TACTGGAAAT GAATCTAATA GCCATTTAAC 300  
 45 AATTGGTTAT GGAACtGCAA ATCATCCATT TAACAGTTcG ACTATTGGAC ATAAAAAGAA 360  
 ACTTGATGAA GATGATGACA TTGATCCACT TCATATGCGT CACTTTAGTA ATAATTTcGG 420  
 TAATGTTATT AAAAACGCTA TTGGTGTGGT GGGTATCTCT GGTTTACTAG CTAGTTTCTG 480  
 50 GTTCTTCATT GCCAAACGTC GTCGTAAAGA AGATGAAGAG GAAGAATTAG AAATAAGAGA 540  
 TAATAATAAA GATTCAATAA AAGAGACTTT AGACGATACA AAACATTTAC CACTTTTATT 600

	AAATAATGGC GAGTCACTCG ATAAAGTTAA ACATACGCCG TTCTTCTTAC CAAAACGTCG	720
	TCGTAAAGAA GATGAAGAAG ATGTGGAAGT TACAAATGAA AACACAGATG AAAAAGTGTT	780
5	GAAAGATAAC GAACATTCAC CACTCTTATT CGCAAAACGA CGCAAAGATA AAGAGGAAGA	840
	TGTTGAAACA ACAACTAGTA TTGAATCTAA AGATGAGGAC GTTCCTTTAT TATTGGCTAA	900
	AAAGAAAAAT CAAAAGATA ACCAATCCAA AGACAAAAAG TCAGCATCAA AAAATACTTC	960
10	TAAAAAGGTA GCAGCTAAAA AGAAGAAAAA GAAAGCTAAG AAAAATAAAA AATAATTTGT	1020
	TTCTTTGATA AATAGaGGAG CACCGATTGA CATCACATCA GTCGGTGCTC CTTTTATTTA	1080
	TTCTTTTTAA TTAATTTATA CAATGCCTGT TGAGCGTGTT GATTGCTTC TTTGTTTTGT	1140
15	TCTCTCGGTA TCCATTTAAC AAATAATAAA TCAAAATCTT TTTCAAATAT TTCTATTTGA	1200
	TCAAAATAAG GTTTGAAATT TGCGTTTTTC ACATAACCAG CTTCAATGCT ATCTGCAATT	1260
20	AGCTTTGAGT CTGTATATAA TAGTGCGTTT TGAACATTTA ATTCACGTGC ATGTTCTAGT	1320
	GCATAAATAC ATGCAGCCCA TTCTGCAGTG TGGTTATCCA TTTCGCCTAA CTCATGTGTA	1380
	TATGTATAAT GCTGCTCATC TTCTTTGATT ACAATGGCAC ATGTACTTAT GCCTGGATTT	1440
25	cCTTTGTCG CAGCATCAAA ATTTATTTTC GCCATAATAA ACCTACTTTC TATTCAATAC	1500
	TTAGTTAAAG TTAATAATTAC TGTAATACAA AATATGTTGG GTAATCCATT AAAAAACACG	1560
	CATCACTTAA ATAAGTAACA CGTGTTTAAA ATACTCGCTG ATTCAAAGAT GATTTTCTAA	1620
30	TACGTATACT GTaATATACT TCCTAAAAAA ATCATCTTCA GGCTGGGACA TAAATCAATG	1680
	TTCTATGCTC TACGATGTTA TATTGGCAGT AGTTGACTGA ACGAAAATGC GCTTGTAACA	1740
	AGCTTTTTTC AATTCTAGTC AGGGGCCCCA ACACAGAGAA TTTCGAAAAG AAATTCTACA	1800
35	GGCAATGCGA GTTGGGGTGT GGGTCCCAAC ACAGAAGATG ACGAAAAGTC AGCTTACAAT	1860
	AATGTGCaAG TTTGGGATGG GCCCCAACAA AGAGAAATTG GATTCCCAAT TTCTACAGAC	1920
40	AATGCAAGTT GGGGTGGGAC GACGAAATAA ATTTTGCGAA AATATTATTT CTGTCCCACT	1980
	CCCTTAAAAC TTATTCTTTT GTGTAGTAAG TGCGTTAATA GCCTTGATCT AACTTATCAA	2040
	TCTTACCTTT ACGATAAAAT GATTTAGCAA TATATCCAAA TGGTACATTG AAAACTGTTG	2100
45	AAGCTAATTT TAATACGTAC GTTGTAATAA ATATTTCAAA TACAaMTGTa CCAGGTAAAC	2160
	TTCCGATAAA TGCGATAGCT ACAAATAAAG CTGTATCAAT TATTGgGCTT AAAAATGTAC	2220
	TACCATATGg CACGGATGAA AAACGTTTTa TCMGaACTAA ATACTTTTTT AATTAGTGAA	2280
50	AAGATAAATA CATCAATATG TTGACCAATA ATATATGCGA CGATTGAGCC TAAAGCAATG	2340
	CGTGGCACAA CATCAAAGAT TGCGTGTAAT GCTTTTTGTG CCATATCTTC TGGTGCAGGA	2400

55

CAAACCTGCTC TTTTGTCAAC TCTACGCCCA TAAATATCGT TTAATATATC TGTGCTAAA 2520  
TAAATAGAAG CAAACATGAC ATTACCTAAA GTTGCTGAAA TACCAAAGAT TTCTACAGTT 2580  
5 TTAATCACTT GTATGTTGGC AATGATTGTG CCAATTGCAA CCCATGCAAT TAAACCTTGT 2640  
TTACCAAAAA AGCGATACAT AAGTACCATA AGCACGAACG TTGCAATAAA CGTAACTAGT 2700  
CCTAAAATTT CATTATACAT ATTAAAATGT CCTCCTAAAT TTTGATCATG CGGGTGTTTA 2760  
10 GAAACCGCTC AATAAATAA 2779

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 289:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1999 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 289:

ACTGATGTGC GTTCATCAAA AACAATATAA TCAAATTCAT TTTCATCAAA TTGCTTAAAA 60  
25 TTATCATCTC TAGATAATGT TTGAATGGTT GCAAATAAAT ATTTGGCATC GACATCTCTA 120  
TGTTTTCTG TCAACAATCC AAAATCACTA TCATTTTTTA TAGGTAATAC TTTTTTAAAT 180  
TCTTCCTTAG CTCTATTAA AATCCCCTCA TTATGAACAA TAAATAAAAA TTTATTAGGG 240  
30 TTTACTTCTC TAACATCTAA TGCACATAAA ATCGTTTTAC CTGTACCAGT TGCAGATATT 300  
ATTAACGCCT TATCTTTGGC TTTATCCCTA ATAGCTTTTA ATGACCTTAA TGCTTCTGCT 360  
TGCATTAAAT TGGGTACAAT TTCCACTGAT TTTTTCACCT TATCAGCTAG CAGCATTGTA 420  
35 GTTTGTTCAA CCTCCGCTAA TTTTCTAAG GAACGGTACT CAAATGATTC TTTATATGAA 480  
TTAATCCATT GCTCAGTCAG TGGGGTACTC TTTTGCCATA ACAAGTCAAA TTCACTTTTT 540  
40 ACACTATCAA CTAAATCGCC ATTTTTCATA GTAGACAGTA AACATTATG CTCATAATTA 600  
ACCTTTAACG CATTAGATGT TAAATTAGAG CTTCCTATTA CCATAGAACT ATAATCCTTA 660  
TGCTCAAAAA TATATCCTTT GGCATGGAAT CCAGCAATAT CAGTTAATCT TACCTCTACA 720  
45 TTTTTTAATT TAAGTAATTC TCCATACATT TTAGGACTAT TAAACCCTAA GTAATTAGAT 780  
GTAAATATTT TCCCTTTAAC ACCCTTATTG CTAAATCTA ATAGTTGAGC CTTTAAGCTG 840  
GcTAAACCGC TTTCTGTTAT AAAAGCCACA GAAAAATAAA ACGTTTCACA TTTTGAAGT 900  
50 TCATCTATAA TTGTTGAAAG AACTTTTTCA TTTTATTAT TACTAAAAG CTTGGGTGTA 960  
TAATTCCTT TATGAGAAAT ATGTTTGTCT ATAAACCCTT TATGTAAAGA TTGATTGAAA 1020

CGCTGGGGCC CAATTTAATT TATCAAGTTC GTTTATTGAC AACCATTCAA TACTCTTATG 1140  
 TTCAGTTAGA GTTGGTAACT CTTTGTTTAA AGTACATTG TATGTTGTTA ACCTAACAAT 1200  
 5 TCCAAAATCA TATTCATGTT CTGTAGTTAT AACTTTGTCT CCAACAATTA AATCACATTT 1260  
 CATTTCTTCT CTAATTTCTC TAATCAAAGC GTCTTTTTC A GTTTCATTCT TTTCAACCTT 1320  
 ACnGCCAGGA AATTCCCACA TTAAAGGCAG ACTCATTTTT TCACTTCTCT GTGCACAAAG 1380  
 10 AATTTTGTTA TCAGAAAAA TAATAGCTCC TACTACATTG ATTACTTTTT TCATAAGACT 1440  
 CACCCTTCAA TTAAAATCA TCTTAATTGT TATTCTATCA AAAATTACAA AACTATATAT 1500  
 AAATCAATAT TAAAAATTAA TATTTTACAT TCACATGAAC GCTCTACTCC ATGCATTTTC 1560  
 15 ATACACATCT ATTATATAAT ACTTGTGAAA AGTATTGTCT TGGGGCTGTG TTTTTTACT 1620  
 TTTGGGGCGT ATTTCTTTAT AATTCATTAC ATAAATGTAA GGGCTTTAGT TTTCATGTTT 1680  
 20 TATTAAGTCT AACTGAGATT TTGAAAGGAT GTTTAGCAAC AATGGATAAA GAATTATGGA 1740  
 TAGAACGAGc TAATGATAGT TTAGTTAAAC ATTTTATG<sub>a</sub> GCAGCAATCT GACATTGAAC 1800  
 AGCGAGAAGG TTTTGAAAGT AAATTAACAT TTGGTACTGC GGGTATACGC GGAAAATTCTG 1860  
 25 GTCTTGGTGA AGGTCGACTT AATAAGTTTA CTATTGAAAA ATTGGCATT A GGTTTAGCGC 1920  
 GTTATTTAAA TGCCCAAACA AACAGTCCAA CAATAGTCAT TCATTATGAT ATTAGACATC 1980  
 TTTC<sub>a</sub>AACTG AATTCGCCC 1999

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 290:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1933 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 290:

GATGACTTTT CCCCCTCATA ATCTTCATGG TCCAGGCGTC CATTAAATGCG TCAAAGGATG 60  
 GCACATTTTA CCTGGAACAA ATGATTCATA TGGTTCATAA AAATCACGCG TCGTAATATA 120  
 45 ATCTTCTAAA TCAAATGCAT AGAAAATCAT TGGCTTTTTA AATACTGCAT ATTCATATAT 180  
 TAAAGATGAA TAGTCACTAA TTAATAAATC TGTTATGAAC AGTATATCAT TAACTTCTCT 240  
 AAAGTCAGAA ACGTCAACAA AATATTGTTT ATGTTTGTCT GCAATATTAA GTCTATTTTT 300  
 50 CACAAATGGA TGCATTTTAA ATAATACAAC CGCGTTATTT TTTCGCAAT ATCTTGCTAA 360  
 ACGTTCAAAA TCAATTTTGA AAAATGGGTA ATGTGCTGTA CCATGACCAC TACCTCTAAA 420

TTGTTTGATC TGTGTCGCAT AAGCTTCATC AAATAGTACA TCAGTACGTG GAACACCTGT 540  
 AGGCACTACA TTTTCTCTT TAATACCAA TGCTTCAGCG TAGAATGGAA TATCGGTTTC 600  
 5 AGATGATACA TAAGCTTTTG TATAGCTACG ATGATTTAAT GAATCAATAA ATGGTCCACC 660  
 CTTTTTACCA GTACGACTAA AGCCAACGTG TTAAAGGCA CCAACGGCAT GCCATACTTG 720  
 AATAACTTCT TGAGAACGTC TAAAACGCAC TGTATAAATC AATGGGTGAA AGTCATCAAC 780  
 10 AAAGATGTAG TCTGCCTTCC CAAGTAAATA TGGCAATCTA AACTTGTCGA TGATGCCACG 840  
 TCTATCTGTA ATATTCGCTT TAAAAACAGT GTGAATATCA TACTTTTTAT CTAAATTTTG 900  
 ACGTAACATT TCGTTATAGA TGTATTCAAA GTTCCAGAC ATCGTTGGTC TAGAGTCTGA 960  
 15 TGTGAACAAC ACCGTATTCC CTTTTTCAA GTGGAAAAT TTCGTCGTAT TAAATATCGC 1020  
 TTAAAAATA AATTGTCTTG TATTAAATGA TTGTTTGGCG AAATACTTAC GTAATTCCTT 1080  
 20 ATATTTACGA ACGATATAAA TACTTTTAAC TTCCGGAGTC GTTACAACAA CATCAAGGAC 1140  
 AAATTCATTA ACATCGCTAG AAATTCAGG TGTAACAGTA TAAACCGTTT TCTTCGAAAT 1200  
 GCCGCCTTTT CTAAATTCCT TTAGGTAAGT CTGCAATAAG AAATTGATTT TACCATTTTG 1260  
 25 TGTTTCTAAT TCGTTGTATT CTTCTTCTG TTCTGGCTTT AGATTTTGAT ATGCATCATT 1320  
 AATCACATCT GGGTTTAACT GTGCAATATA ATCAAGTTCT TGCTCATTCA CTAATAAGTA 1380  
 CTTATCTTCA GGTAAGTAAT AACCATTATC TAAGATAGCT ACATTGAAAC GACAAACGAA 1440  
 30 TTGATTCCCA TCTATTTTGA CATCATTCGC CTTCAATTGTA CGTGTCTCAG TTAAATTTCT 1500  
 TAATACAAA TTACTATCTT CTAAATCTAG GTTTTCACTA TGTCCTTCAA CGAATAACTG 1560  
 AACACGTTCC CAATAGATTT TATCTATATA TATCTTACTT TTAACCAACG TTAATTCATC 1620  
 35 CTTTTCTATT TACATAATCC ATTTTAATAC TGTTTTACCC CAAGATGTAG ACAGGTCTGC 1680  
 TTCAAAGCT TCTGTAAGAT CATTAAATGT TGCAATTTC AATTCTTGAC CTTTTAACAA 1740  
 40 CGCTAATTTA nCTACAATAT CTGGGTATTG AATGTATAAG TCTACAACAT CTTGGAAATC 1800  
 TTTTGAACCA CTTGACTAC TACCAATCAA CGTTAGTCCT TTTTCCAATA CTAGACGTGT 1860  
 ATTAACCTCT ACTGGGAACT CACTTACACC TAACAGTnCA ATGCTTCCTT CTGGTGAAAT 1920  
 45 GTAATCGATC ATT 1933

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 291:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 50 (A) LENGTH: 2049 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

55



(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 291:

	nGTnCGGnCA GATATATTGG TGGTCTTTAG TAAGTGTATC AAATTCATCA GATGTCAAGG	60
5	GCATGTTATC ACCTCCTTAG GTTGATAACA aCATTATACa CGaAAGGAGC ATAAaCAAaT	120
	GAACACAaGA TCAGAAGGAT TGC GTATAGG CGTCCCACAA GTTTCTAGCA AAGCTGATGC	180
	TTCTTCATCC TATTTAACGG AAAAGGAACG TAACTTAGGA GCGGAAATAT TAGAACTTAT	240
10	TAAAAAAAGT GATTACAGCT ACTTAGAAAT AAACAAAGTT TTCTATGCAT TAGATAGAGA	300
	ACTTCAATAC AGGGCGAATA ATAACAACT TTAaCATTa TCTAAAGGAG TGATAGAGAT	360
15	GCCAAAAATC ATAATACCAC CAACACCAGA AAACACATAT CGAGGCGAAG AAAAATTTGT	420
	GAAAAAGTTA TACGCAACAC CTACACAAAT CCATCAATTG TTTGGAGTAT GTAGAAGTAC	480
	AGTATACAAC TGGTTGAAAT ATTACCGTGA AGATAATTTA GGTGTAGAAA ATTTATACAT	540
20	TGATTATTCA GCAACGGGAA CATTGATTAA TATTTCTAAA TTAGAAGAGT ATTTGATCAG	600
	AAAGCATAAA AAATGGTATT AGGAGGATTA TCAAATGAGC GACACATATA AAAGCTACCT	660
	ATTAGCAGTG TTGTGCTTCA CGGTCTTAGC GATTGTACTC ATGCCATTGC TGTACTTCAC	720
25	TACAGCATGG TCAATTGCAG GATTCGCAAG TATAGTGACA TTCATATTTT ATAAGGAATA	780
	CTTTTATGAA GAATAAAAAA ACTGCTACTT GTTGGAGCAA GTAACAGTGC AAGATGAGCA	840
	ATTGTCTTAA ATAATTATAT AAGGAGTTAT TAATATGACC TTACAACAAA AAATACTATC	900
30	ACATTTTGCA ACATATGACA ATTTCAATTC TGATGATGTT GTTGAAACTT TTGGGATATC	960
	TAAAACACAT GCAAAATCCA CACTTTCAAA ACTTAAGAAA AAAGGAAAGA TTGCAATGGA	1020
35	AAGTTGGGGT GTCTGGCGTG TTATTGAATC GCAATTGCAT TTAAGTGTAG TCGAACGTAA	1080
	AAAAGAAATT TTAGAAGAAC AATTTGAATT GTTAGCAAGA TTAAATGAAC AAAGTGATGA	1140
	CCCTAGAGAA ATAGAAGAAC GTATCAAGTT AATGATTCGT CTAGCTAACC AATTTTAAGG	1200
40	AGGAGTTAAT CAATGGCAGT ATTAGAAGGT ATTTTGAAG AATTAAACT ATTAATAAG	1260
	AACTTACGTG TGTTAAACAC TGA ACTATCA ACTGTAGATT CATCAATTGT ACAAGAGAAA	1320
	GTTAAAGAAG CACCAATGCC AAAAGAAGAA ACAGCTCAAC TGGAATCAAT TGAAGAAGTT	1380
45	AAGGAACTT CTGCTGATTT GACTAAAGAT TATGTTTTAT CAGTAGGAAA AGAGTTCCTT	1440
	AAAAAAGCAG ACACTTCTGA TAAGAAAGAA TTTAGAAATA AACTTAACGA ACTTGGTGCG	1500
	GATAAGCTAT CTACTATCAA AGAAGAGCAT TATGAAAAAA TTGTTGATTT TATGAATGCG	1560
50	AGAATAAATG CATGAAGCTA GATCACTCAA ATAGAGCTCA TGCAAAGCTT AGTGCAAGTG	1620
	GAGCAAAACA ATGGCTAAAC TGTCCACCGA GTATTAAGGC AAGTGAAGGT ATTGCAGATA	1680

55

GTCTTAAATA TGAAGGCCTA ACACAGTTTG AGTTTAATAA AGCTTTTCAA AATTATAAGC 1800  
 GAAATCAATA TTACAGTGAA GAGTTGCGCG AATATGTTGa AGAGTACGTA GCTAATGTAG 1860  
 5 AAGAAAAGTA TAACGAGGCT TTGaGTAGAG ATGACGATGT AATAGCTTTA TTTGAAACAA 1920  
 AATTGGATyT AGGTAAATAC GTCCCTGAAT CTTTGGTay TGGTGATGTC AtTATATTTT 1980  
 CAGGTGGTGT ACTTGAAATT ATTGACCTTA AATACGGTAA AGGCATTGAA GTTTCAGCTA 2040  
 10 TAGATAATC 2049

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 292:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 942 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 292:

ATGATGTTTC TATATTCGTA TTAGGAAAAC CTGTTGGTAT TACAACAAAC GCCCTAAAAT 60  
 25 TACAATACCG CTGCTCCTAT ACCAATTGCA ACAACAGTTT TAACTGAAAT ATCTTGTTTT 120  
 TTCATCTTCA TTAATCCTt ACATAAAAAA TTCATTATAT TGATGGTGCT TTAGATAAAT 180  
 GAATCGTCCA ATCATTTCCTA GTACCAATAT GATATAAATC TGAAAATGAG TCTTGATTGA 240  
 30 CTGCTACACC AATATTTACT AGCGAGTTAA CATAACAAG AGGTTACCCC ACATTAACAT 300  
 CTGCAAACGA TCGCGCAAAT TTAATAATAT TTTGATAGAC TTTCTTATCT TGATGATAAA 360  
 TTGTTACCAC CAAATTATTA CCATGAACAA TTTCCAAGGA TTTTAAGAAT GCCAATGGAA 420  
 35 TATTTGTCCA TAATGACCCA AATCTGATAT CTAAAATATC AATGCTTCCT GTAACAGAAT 480  
 CCTCATT TTTT TGTCACCTCT CTTATTTCTA ATGCCTCAAT ACTATCAACA TTAATTGCCT 540  
 40 GACCGAGACG TTCAAACGCT ATCTTATTTG CAGCTAATCT CGCACCATTG TATGCATAAA 600  
 CATCTCTACC ATGAAAAGTA TGACTTTCTT CCGAATGAGG CAATCGGCTT TTCACTTCAT 660  
 CAATTTTCGAT AACTTTTTTA ATACCTTCGT AATGTTTAAT ATGACTTAAA GAACCATTAT 720  
 45 CAGGTGTAAT AATGTAATGA CCTGAATATG TTAAGCAAGC AATGTCCGCC TATCACTACC 780  
 TACACCCGGG TCTACCACTG ATACAAaC TGTGCCTTTA GGCCAGTATT TTACAGTTTG 840  
 ATATAACGA TATGACGCTA CCCAAATGTC ATACGGTGGT ATATCATGCG TTAAGTTTTC 900  
 50 AACACGTATA TCATCATTAC AGTATATGCA ACTCCATACA TT 942

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 293:

(A) LENGTH: 1268 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 293:

10	TGTAATAAAA TTTTATGnAA CATGCTGnGA TGCTACCATG AACCTTCTTC ATTTCTTTAT	60
	GTGAGATTGT GaaATTAATC AAATAATAAT ACGGTGGATA CTTTCCTAAT TTACGATATT	120
	CCATTTCTTG ACGATAAAAT GTTAAATAAT CATTTTTTTG AACATCCAAT ATTGAATAAT	180
15	GATCTGGATT ATACGTTTGA ATGATGACTT GACCTGCCTT TTCATGACGA CCAGCTCTAC	240
	CAGCCACTTG CGTTAATAGT TGATAAGTAC GTTCGCTCGC CCGAAAATCA GGTAATTTA	300
	ACATTGTATC TGCATTGAGC ACACCAACTA AAGTAATATT TGGATAATCT AATCCTTTTCG	360
20	CAATCATCTG AGTACCTAGT AAAATGTCAC CGTTACCTTT TTCGAATTCA GTCAATAACT	420
	TTTCATGTGC ACCTTTCTTT GAGGTTGTAT CTACATCCAT CCTAATTATG CGCGCATCTT	480
	CAAATTCTTG TTGCAATAGT TCTTCAACTT TCTGAGTACC AGTACCTACT TGTCGAATGT	540
25	GTTCACTCTC ACAATTGGA CATTGATTCTG GTGGCGTCTC TTGGTAACCA CAATAGTGAC	600
	ATTTTAATAA GTCTGTCGTT TTATGATACG TTAATGAAAT ATCACAGTTT GGACATTGCG	660
30	GTACATATCC ACAATCCCGA CATAACATAA ACGATGCATA ACCACGTCGA TTTAAAAATA	720
	AAACAACCTG TTCCTGTCGA TCTAATCTTA ATTGTATGGC TTCACGTAAA TCTTTTGAAA	780
	ACATTGACCG ATTACCTTCA CTCAATTCTT CACGCATGTC TACTATATCA ATTTGAGGTA	840
35	AAGCTTGTTG GTTCACTCTG TTTGGTAATG ATAGCAAATG ATAAACGCCT TTTTCAGCTC	900
	GTGCATAACT TTCAAGACAT GGTGTTGCAC TTCCTAAAAT GACTGGACAG TGATGATATT	960
	CAC <sup>H</sup> CGCCA TTGGGCAATT TCTCTAGCGT GATATCTCGG ATAATCTTCT TGTTTATATG	1020
40	TAGATTCATG TTCTTCATCA ATGATGATTA ACCCTAAATT TTTGAAAGGT GCGAACACAC	1080
	TTGACCTTGC ACCAACAATT ACTCTCGCAC GACCATCCCT AATTTTTTGC CATTCATCAT	1140
	AACGTTCCCC ATTAGATAAG CCAGAATGTA ATACAGCAAC GTCATCACCA AATCGACGTT	1200
45	TGAAGCGTAA AACCATTGTC GGTGTTAGAG CGATTTCAGG AACTAACATC ATCGCCTGTT	1260
	TTCCTTGG	1268

50

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 294:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 629 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double

55

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 294:

5 TACCACCAAA TAATATATTA GCTGGCATT TAATAACATT TAATTTGTC ATGATATCAT 60  
 CAATAAAATG TTGAAACTTC GTAATTCAC CTTCATAATC ATCAATTGCT GCTAATTGCG 120  
 CACTCGATGC TTGCTGATCT AAATTTAAAA TATTCGACAT GCGTTGACTA TAATAAACTA 180  
 10 AATGTTCTAT TAAGCCATCG TCACTCTTTT CCTTTGGTGC TGACATGACA GCGATACGTT 240  
 TCAAAGGATA GTGTTGCGCC AATTTTAATG TCATTAATCC ACCTAAAGAC ACACCCGTTG 300  
 CACTGATAGA TTCATAACCT TCATTGACTA AAAATTGGTA AGCTTTCTCA ACTTCTTCCC 360  
 15 ACCAATCATC TACATTATAT GTCATGAAAT CTTTCAACAA TAAACCATGA CCTGGATAAT 420  
 TCGGTGCATA ACAACTAAAT CCTTGGTCAT TTAATCAGC TGCAAGATGC TTCACATCCC 480  
 GATTTGTACC TGTAATGAA TGTAATAATA ATATCGCATG TCCATTGTG CCTTTTAAAT 540  
 20 ACGTGGACTC GGTGTTTTAA TTCTCATTTT TCTaTATAcC TCCACTAtGT CTAAAGakGT 600  
 TkGCTAAACG CGTTGtCGTC GATGATTAA 629

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 295:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2817 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 30 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 295:

35 TATGAAAGTA ATGAATGGTA ATATTATTAA ATTTGATGGA AAAGTAGATA TTGATAATGC 60  
 AGATFAATATC GGTTTTTTTAA TTGAGCATCC TAAATTATAT GATAATAAAT CAGGATTGTA 120  
 TAACTTGAAA TTATTGTCAC AAGTATTAGG TAAGGGTTTT GATAAAGCAT ACACAGACAA 180  
 40 AATTATAGAT GCATTGCGTA TGAGACCTTA TATTA AAAAG AAAGTTAAGA AATATTCAAT 240  
 GGGGATGAAG CAAAAGTTAG CAATTGCAGT ATCTTTAaTG AATAAACCTA AATTTTTAAT 300  
 45 CTTGGATGAG CCTACAAATG GkATGGATCC AGATGGCTCa ATTGATGTGC TGA CTACAAT 360  
 TAAGTCTTTA GkAAATGaAC TTGATATGAG AATTCTaATA TCAAGTCATA AGTTAGAAGA 420  
 TATTGAATTA ATTTGTGATA GAGCTGTATT TTAAAGAGAC GGnCATTTTG TTCAAGATGT 480  
 50 AAACATGGAG GAAGGTGTTG CATCTGACAC AACGATAGTT ACTGTTGATC ATAAAGACTT 540  
 TGATAGAACT GAAAAATATC TTGCAGAGCA TTTCCAATTA CAAAATGTCTG ACAAAGCAGA 600

55

	ATTAGATATT TATCCGAAAT ATATTGAAAC ACGTAAAAGT TCATTGCGTG ATACGTA	720
	CAATATAAAT CAAAGAGGTG ATAAATAATG AGAATTTTAA ATTTAGTTAA GTATGATTTT	780
5	TATAGTATAT TTAAaArTCC TTTAACATAT TTAGCGaTAC TAGTCGTATC TAGTTTGATT	840
	GCAACTCAAA GTATACTTAT GGCAAATTCG ATGGATAACC CGAAACATAT TATTGTCTAT	900
	GGATCTGTAT TTGCTGCAGC AAAATGGTTA TTGTTAATAA TTGGATTAAAT GTTTGTTGTT	960
10	AAGACAATTA CGCGTGATTT TTCACAAGGT ACAaTTCAAC TATATATGAG TAAAGTTAAA	1020
	ACACGCGTTG GAtACATTAT TTCGAAAACA ATTTCAATTa TTTTAATTTTC AATATTATTT	1080
15	GCATTAATTC ATTATGTGAT TTTGATTGTT GTGCAGGCAT CTAGTAATGG AAAAAATTTG	1140
	GCGTTTTCTA AATATGTAGA TAATTTATGG TTCTTCCTAA TCTTTTTACT ATTCTTTGGC	1200
	TTGTTTTTAT TCTTAATCAC ACTTGCATCA CAAAAACAG CAATGATATT TTCATTAGGT	1260
20	GTATTTTTAG TACTCATTGT ACCGTTTATT AAACCTTTTA TTACATTTAT CCCAAGATAC	1320
	GGTGAAAAAG TTTTAGATGC TTTTGATTAT ATCCCTTTTG CTTACTTAAC TGATAAAATG	1380
	ATTAGCTCTA ACTTTGATTT TAGCAATTGG CAATGGGTAA TTTCAATTAGG TTCTATAGTG	1440
25	ATATTCTTCA TTTTGAATAT CTTATATGTC GCTAAAAAAG ACATyTAATA AAAATAATTT	1500
	TGAGGTTGGG AATTTTAAAT TTTCCCAACC TCAAAGTTTG TCTTATTGTA AATTTATTTA	1560
	TTTTCTAATT TATTTAGGAT GGAATTATAA ACTGCTTTCC AAAATGAAGC GTCAGTTTTA	1620
30	TAGCGGTTTG ATATAACTAA GTGTGTTTCT TTTTCTAAAT CTGCATAGTC TGGATGATCT	1680
	TTGCTCGGTA ATTTATCAGC ACGAACATCA GTTACAAATT TTTGGACTTC ATTTGCTCTT	1740
35	GGTCCCCAAA CTGTTTCTTG TTCGAATTGA TCATTCAAGA ATACGAAGAT AGGAATTGCA	1800
	CGTGATTTAC CATTTGTAA ATATTGATCG ATCAGTTTTG TATCATCATC TCTATGGAAC	1860
	ACGCGTACTT CTAAATTTAA TGCTTCACTG ATGTGTTTTA GAATTGGGAG ATTCATCATT	1920
40	GCATCTCCAC ACCAGTCTTC AGTAATTACT AATACTTTAG AATAATTCAT CTCTTTTATT	1980
	TTTTTGATGC GTGAATCATC TTCTGGTAAC TCAAATGATT GATAGATACT GAGAACGGTA	2040
	TCTTGATTG TCTTCATTCC ATCAATGTAT TCATTTAAGG GTTGGCTATT TTTGAAATAA	2100
45	GTTTCTAAAT TTGTCATTGT AAAAACCTCC TTTAGCATTT ACAACATTAT ACCAATTTAT	2160
	AGTAATAAAA GGTAATGAAA TAAATTAATT GCAAATTCCTT TGTTAATTTT TGTTAAGGAT	2220
	GAAACGGGAA GCACCTTATG CTATATTTAA ATAAGTACAA AGAAAGGGTG ACATCAGTGC	2280
50	GTATTCAAAA TCGCTGGGTT GTGTTTATAT TATTTTTAAT CTGTTCTTTT GGTGTATTAA	2340
	TTGGTTTATA TCAATATCGT CATACGAAAA CTGTGGATTT GTCTAATCTT GAAATAAACG	2400

55



TTGATCGTTT TAAATTTTAT AACAGTAAAG CTCACCCTGA TCTTACCGTT AAAGTGAGAG 2520  
 AAAAGGATAA CATCGTTAAG GGGATAATAT TAGTAAGAGA TGAAAAGATA CATACTAATT 2580  
 5 TTGATGGGGG AATTGGTTCG CCGATAAATA ACCGgATTGA AAATCTTGGa TTCgGATATA 2640  
 AAAGrACaAA AGTTGGCAAT GrtTkCtCAT CgGTAAAGTA TATTGATAGA GATAACCATT 2700  
 TAAATTTAAA CTTACTTTAT CAAGATTTAG AAATTAAACG TATTGAATTT TTTAGTAAAT 2760  
 10 AGCTTTAGGT CTTAAAGTTw TAAAAACGA ATGAaTAATT TTATTGGGAT GAGTGAC 2817

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 296:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1607 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 296:

TCTGTTAAAA TGATTTTCT TTTAnAAAGG CCGnAAATCA ATGTTGATT nTTATTGCA 60  
 25 TTATGGTCTC GATATTGGTA GAATATCAAA TGGTTAAATG AGAAAACTT GGAGGTGCTC 120  
 ACATGTCATC AATCGTAGTA GTTGGGACAC AATGGGGAGA CGAAGGAAAA GGAAAAATAA 180  
 CGGATTTCTT GGcAGAACAG TCAGATGTTA TCGCGCGTTT TTCAGGTGGT AATAATGCAG 240  
 30 GCCATACCAT TCAATTTGGC GGAGAAACAT ATAAATTACA TTTAGTACCA TCTGGTATCT 300  
 TTTACAAAGA CAAATTAGCG GTAATCGGTA ACGGAGTCGT TGTTGATCCA GTTGCACTAT 360  
 TGAAAGAATT AGACGGATTA AATGAACGTG GCATTCTTAC AAGTAATTTA CGTATATCTA 420  
 35 ATCGTGCGCA AGTGATTTTA CCATATCACT TAGCACAAGA TGAATATGAA GAACGTTTAC 480  
 gTGGEGACAA TAAGATTGGT ACAACTAAAA AAGGTATCGG TCCAGCATAT GTAGACAAAG 540  
 TTCAACGTAT CGGTATTCGT ATGGCAGATT TACTTGAAAA AGAAACATTC GAAAGATTAT 600  
 40 TAAATCAAA CATTGAATAT AAACAAGCAT ATTTCAAAGG TATGTTTAAC GAAACATGTC 660  
 CATCATTGA TGATATCTTT GAAGAATATT ATGCAGCAGG TCAACGTCTA AAAGAATTG 720  
 45 TAACAGACAC ATCAAAAATC TTAGACGATG CATTGTAGC AGATGAAAAG GTACTTTTCG 780  
 AAGGTGCGCA AGGTGTAATG TTAGATATCG ACCATGGTAC ATATCCATTC GTTACATCAA 840  
 GTAATCCAAT TGCAGGTAAC GTTACTGTTG GTACAGGTGT AGGTCCTACA TTCGTTTCAA 900  
 50 AGGTAATTGG TGTATGTAAA GCTTATACAT CACGTGTTGG TGATGGTCCA TTCCCTACTG 960  
 AATTATTCGA TGAAGATGGA CATCATATTA GAGAGGTTGG TCGTGAATAC GGTACAACAA 1020

TAAGTGGTAT TACAGATTTA TCTATTAACT CAATCGATGT TTAAACAGGC CTAGACACAG 1140  
 TGAAAATCTG TACAGCTTAT GAATTAGACG GTAAAGAAAT TACTGAGTAC CCAGCAAACCT 1200  
 5 TAGATCAATT AAAACGTTGT AAACCAATCT TTGAAGAGTT ACCAGGTTGG ACAGAAGACG 1260  
 TAACAAATGT GCGTACTTTA GAAGAATTAC CTGAAAATGC ACGTAAATAT TTAGAGCGTA 1320  
 TTTCAGAATT ATGTAATGTA CAAATTTCTA TCTTCTCAGT TGGTCCAGAT AGAGAACAAA 1380  
 10 CAAACCTATT AAAAGAATTG TGGTAGAACT TTATATAAGT CATAACAAT GATTATAAAT 1440  
 ACATGAGCCT TCTATCTTTA TTGGTAGGAG GCTTTTGTTA TGCTTGCTTC TGTATCGATT 1500  
 CGATTATTTA GATAAAAAAT ACTAACGTAA AGGCGATATT TGCTAGTCAT AATTTAGAAG 1560  
 15 rTTAgATGAt AtTtAACGAA AAtTAAGaTG anATACtTGA ATGGTAA 1607

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 297:

- 20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 3055 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 297:

TTAGAAGTAA GCACTTTAAT ATCTTTACCT ACCCATGTAC CAACACCTTC TTTAGGCTTT 60  
 30 GGATTTTCAG CATGGTTATT TGATTTATTC ACCTGTTTCAG ATCTATTTAC TTTATTACCT 120  
 TTATTCGGGT TCTCTAATAC ATCAAATTTT AATCTCGGTG AATAAAAAAG ATATATTAAA 180  
 AATCCAACCTA AAAATAATAC ACCGACGACT CTTATAATTA ACTTTTTTCAT CAATCAACCA 240  
 35 CCTAAAAAGT ATTAATACTA TTGTAAAAAA CAACACATTA ATTAGCAAAT TTTCAACACT 300  
 GACAFAACTG TGTCGTTTCG ATAAAACAAA ATCATCTTCA GGCATAATTT TAACGTCATA 360  
 AAGATTTTCC CTACACTCTA TATCATAACC TATCTTTATG TTTTCAGGTT GAATTTTCATT 420  
 40 ATTAAGATTA AATATGTAT AAAAAAATGG ACAGTTAAGG TATCAAATGA ATACCATCAA 480  
 CTGTCCGACT ATTCTTCATC AAAAAACCTG ATAAAACAAA TTGCCTTATC AGATTAGTAT 540  
 CATTGTGATA AGCATATTAA TGACCAAATG TTGCTTTAAT CAGTGATGTC GTTTCTCCAC 600  
 CTGGATATAA TACATATAAT AATAAGTAAA CTGCTACACC TGTAATTGCA GTACAGAACC 660  
 ATATAACTGA AGCGAATGGC CCGAATTTGC GGTGTACATT ATATTTATCT TTAAATGCAG 720  
 50 TAATAATTTG AACTAGGCCT AGAATACCAC CAATTGTTGC TAAATTAATG TGGAAAAATA 780  
 AGAAAATCGT ATAATATTTT TTAATTGATG CTGGTCCGCC AAATGCTGTA TTACCGATAA 840

	TAACATTTTT GTGTTTATTT ATTTCCCTTT TCCAAATAAG TCTCCAACCA ATGGCAATTA	960
	AAATTGCACT AATGACAATA CATGTCGTAC TAATCGTTGG TAAAATTGGA ACGCCCATAT	1020
5	TTTTCATCCT AACTTAATTA ATCTAGATCA AAGTAAGTAA TGAAACAATC ACAGCTAACA	1080
	CGAAAAAGAT CACTAAATAA TTTAGTGAAT ATATAAACAT TTGTGTTGCC CATTITGTTT	1140
	GATCTGAATT TTTCTTAAAT GTTGTTAAAC CTAATGCAAT CCATCCTAAA TTTAATAAGG	1200
10	TtGCTAACAC TaCGAATACG ACACCTAAAT TTATTAGTAA TAAAGGTACT GGCAATAAAA	1260
	TAATCAACCA GATAAACATA CTGACACGTG TACGTTTAAA GCCCTTAACT GATGGTAACA	1320
	TTGGAATATT TGCAAGTGCA TATTCATCTT TACGTTTAAAT AGCTAAGGcA TAAAAATGAA	1380
15	TTGGtTGCCA ACmAAATACA ACTAAAAACA GCGCAATCGC TGTTAAACTA ATTTGTCCTT	1440
	CAATTGCAAC CCATCCAATT AGTGGTGGTA CTGCTCCAGG AAAACTCCCA ATCACTGTGT	1500
20	TCCATGTTGT ATGTCTTTTA GACCATATTG AGTAATAAGA CACATAACCT ACAATCCCCA	1560
	TAAGACCAAG TACGCCTGAT GGTATATTCA ATAAAAACAA ACAAATTtCT CCAACTAACA	1620
	TCATACCAAA ACTTAATAGT AATAAATTTT GATCTGTAAT TCTATTATTT ACAGTTGGTC	1680
25	TATTTTGTTT ACTAGGCATA ATACGATCAA TATCTTGGTC GTAATAATTA TTTAACGCAC	1740
	ATGCGCCACC CATAATTAAA GTAGATCCAA ATAGCATTAA TAAATTTGA GGTATTGATG	1800
	ATAAGAAGGA ATGATTTGTC ATTACAACCTG CTAGCCATGC GcCGCAAAA GCCGGAATTA	1860
30	AGTTACCTTG AACAGTCCC ATTTTAATTA TCTGTTGCAA TTCTTTGAAG TTAACtCTGC	1920
	TAATATTTTG TGACmAAGTA TGCTCTTTGC TCATAATCCC CTCCTTAAA TTTGTTcATA	1980
	TAAGATTATG ATATCTTAGA TTGCATAAAA AGACTAGGTT TAATAAAATT AAATTGTGAC	2040
35	AAATTAACGA CAAGAGAAAA TGTCAATTTT GTGACACAAA TAACATTTAA TTTATTGCTA	2100
	TAATGTATAT GTTAGAAAAT TTTAATAAGT AGAATCATGC ATCTAAAAGA GATTAAATAT	2160
40	TAAGCTTCAA ATTTGAGTAA ACGTGGATTA CATAATTATC CCAATAAAAA AATCATTACG	2220
	ATTAAGTTCT TTTATGTGCG TCCACATACA ATACTTGTA AATTAAATCA TATTTCTGCTGC	2280
	GTTGGATCCC ATCTTTTCAT ATCCTACAAT CAGGTCTATT TATAGTATCA TCTCAAATCC	2340
45	GGCTATTAAT TCTAATTCTC AGTGATGCGT TTTTTTATGA TGGGGTGTAT AAATTGTTTG	2400
	GCAAAAAGAA TTTAAATGG TTAGGTGTCG TAGCAACGTT AATGATGACA TTTGTACAAC	2460
	TTGGTGGAGC CTTAGTTACC AAAACCGGAT CAGCTGATGG TTGTGGTTCT TCTTGGCCAC	2520
50	TATGTCATGG TCGTTGATT CCAGAATTCT TTCCTATTGA TACGATTATT GAGTTAAGTC	2580
	ATAGAGCCGT TTCAGCTTTG TCTTTATTAA TGGTCTTATG GTTAGTTATC ACTGCATGGA	2640

55

TATTGCAAGC ATTAATCGGA GCTGCTGCTG TTATTTGGCA ACAAACGAT TACGTTTTAG 2760  
 cATTGCACTT TGGTATATCA TTAATCAGTT TCTCATCTGT ATTTTAAATA ACATTGATTA 2820  
 5 TTTTCTCTAT AGATCAAAAA TATGAAGCTG ACGAATTATA TATCAAAAAG CCATTAAGAC 2880  
 GTTTAACATG GTTAATGGCA ATCATCATTT ATTGTGGTGT TTATACTGGT GCACTAGTGa 2940  
 GACATGCGGA TGCAAGTTTA GCATATGGTG GTTGGCCATT GCCATTACCA CGATCTTGTA 3000  
 10 CCACATTCAG GAACAAGATT GGGTTCAACT CACGCATCGT ATCAaGGTCn nTTAA 3055

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 298:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 748 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 298:

TTCTTATTTA AAGAAGTCAT TTTTAGAAAT TGTTGAGACT TTAAAAAATG ATCCGTATAA 60  
 25 AATAACACAA TCTTTTGAAA AATTAGAGCC TAAATATTTA GAGCGATATT CAAGAAGAAT 120  
 TAACCATCAG CACAGGGTCG TCTATACCGT AGATGATCGA AATAAAGAAG TATTAATACT 180  
 ATCGGCATGG TCACATTATG ATTAATGAAT ATTCAATATC TGAATAACTT TAATGATAAG 240  
 30 TTAATTAAAG AAAC TAGTAT TTAAGTGTAG GGAAAATAGC GACGTTAATG CGTTGTTATC 300  
 TCTACACTTT TTAATTTTAT AATAGCGCAA GACTAAACAG ATTGAAATTA GTAACAATAA 360  
 AAGAATAACG TATTATAATA AGGAATTTTA AATTGTGACT TTTTCGGAAT ATTAAATTTT 420  
 35 AGAAATATGA GGTTTTTAAG CGGATTCCTC ACAAATTTT AAAAATATTT AAGCCTGAAA 480  
 ATGATAAAGC GGTAGGGAAC GTTTTCTGA AaGTTAGTGA TACAATAGTT TTAAGTTGAA 540  
 ATACAGGAGG ATGAATAACA TGAATCAGTC AGTCAAATTA CTTAAACATT TAACAGATGT 600  
 40 AAACGGCATT GCTGGTTATG AAATGCAAGT TAAAGAAGCA ATGCGT<sub>2</sub>ACT ATATAGAGCC 660  
 TGTCAGTGAT CaAATTATTG AAGATAACTT GGGTGGCATT TTTGGAAAGA AAAATGCTGA 720  
 45 GAATGGTCAA TACTCAATTA TGGaTTTC 748

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 299:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4718 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 299:

	ACCTCCGAAT AATTGATTCC ATTAACITTT TTTGTG <del>a</del> AAA A <del>e</del> TTAAACAG GCGAAGTCTT	60
5	CAATAAGTGA AGATGTCCAA ATTATAAAAA ATACATTCCA AAAAGAAAAG TTAGGTACAG	120
	TAATTAC <del>e</del> AC y <del>c</del> TGGCGCAA GTGGTGGTGT TACGTATAAA CCAATGATGA GTAAAGAAGA	180
	GGCGACTGAA GTTGTTAATG AGGTCATTAC TCTATTAGAA GAGAAAGAAC GTTTGTTAC <del>c</del>	240
10	TGGCGGATAT TTATTTTTAT CAGATTTGGT AGGTAATCCA TCGCTACTAA ACAAAGTTGG	300
	TAAGTTAATT GCCAGTATTT ACATGGAAGA AAAATTAGAT GCTGTTGTTA CCATTGCGAC	360
15	AAAAGGTATT TCATTGGCAA ATGCGGTTGC TAATATTTTA AATTTACCAG TAGTAGTGAT	420
	TAGAAAAGAC AACAAGGTGA CTGAAGGTTT TACAGTTTCA ATTAATTACG TTTCAGGATC	480
	TTCAAGAAAA ATAGAAACAA TGGTACTTTC GAAGAGAACT TTAGCAGAAA ATTCAAATGT	540
20	TTTAGTTGTC GATGATTTTA TGAGGGCTGG TGGCTCTATT AATGGTGTTA TGAATTTAAT	600
	GAATGAGTTT AAAGCCCATG TAAAAGGGGT ATCAGTACTT GTAGAATCAA AAGAAGTTAA	660
	ACAAAGATTG ATTGAAGATT ATACTTCCTT AGTGAAATTA TCTGATGTAG ATGAATATAA	720
25	TC <del>a</del> AGAGTTT AACGTAGAAC CTGGCAACAG TTTATCTAAG TTTTCATAAA AGGAGTTTTA	780
	GTATTATGAA AATCATTAAAC ACAACAAGAT TACCGGAAGC ACTTGGACCA TATTCGCATG	840
	CAACAGTTGT GAATGGTATG GTTTATACTT CTGGTCAGAT TCCATTGAAT ATTGATGGAC	900
30	ATATCGTAAG CGCTGATGTT CAAGCACAGA CAAACAAGT TTTAGAAAAT TTAAAGGTTG	960
	TTTTGGAAGA AGCAGGATCT GATTTGAATT CTGTTGCGAA AGCGACCATT TTCATTAAAG	1020
35	ATATGAATGA TTTCCAAAAA ATAAATGAAG TGTATGGTCA ATATTTTAAT GAACACAAGC	1080
	CAGCGCGTAG TTGTGTAGAG GTTGCGCGTT TGCCAAAAGA TGTGAAAGTA GAAATTGAAT	1140
	TAGT <del>A</del> AGTAA AATTAAGGAA TTATAATTTT CGATTAAATAT GTTTAATCAA GCTTCTAAAT	1200
40	AAAACAGAGA GATATATACT ATAGGGGGGC TCACTACATG AAAGTGACAG ATGTAAGACT	1260
	TAGAAAAATA CAAACAGATG GACGAATGAA AGCACTCGTT TCCATTACAT TAGATGAAGC	1320
	TTTCGTAATT CATGATTTAC GTGTAATTGA AGGAAACTCT GGCTTGTTCTG TTGCAATGCC	1380
45	AAGTAAACGT ACACCAGATG GTGAATTCCG CGACATCG <del>c</del> g CATCCTATTA ATTCAGATAT	1440
	GAGACAAGAA ATTCAAGATG CAGTGATGAA AGTATATGAT GAAACAGATG AAGTAGTACC	1500
	AGATAAAAAC GCTACATCAG AAGATTCAGA AGAAGCTTAA TCAATTTTAT ATTTAGCGAT	1560
50	GTAATACATT TGCAATAAGT TGATTTGATA CTGTCGATAA AGCATAAAGC TTTGTCGGCA	1620
	GTTTTTTT <del>T</del> AG TTTGTATTAA TGTTTTTTTT TTTTAAATGA AAGGCTAATA AATATATACG	1680

55



	TGatGCTCGT	ATTTTGAAG	TAAGAAAAA	GTTGTTTTTA	AAATTACAAC	GAATTAAAA	1800
	CAATGCCTTT	TATATGTTGA	AAGAGTATTG	CaGATTAAAT	TaTATAATG	ACGAaGgTAA	1860
5	AATTTAATGG	GGGTTAATGT	TCATGCGAAG	ACACGCGATA	ATTTTGGCAG	CAGGTAAAGG	1920
	CACAAGAATG	AAATCTAAAA	AGTATAAAGT	GCTACACGAG	GTTGCTGGGA	AACCTATGGT	1980
	CGAACATGTA	TTGGAAAGTG	TGAAAGGCTC	TGGTGTGCGAT	CAAGTTGTAA	CCATCGTAGG	2040
10	ACATGGTGCT	GAAAGTGTA	AAGGACATTT	AGGCGAGCGT	TCTTTATACA	GTTTTCAAGA	2100
	GGAACAACCTC	GGTACTGCGC	ATGcatGCAA	ATGGCGAAAT	CACACTTAGA	AGACAAGGAA	2160
	GGTACGACAA	TCGTTGTATG	TGGTGACACA	CCGCTCATCA	CAAAGGAAAC	ATTAGTAACA	2220
15	TTGATTGCGC	ATCACGAGGA	TGCTAATGCT	CAAGCAACTG	TATTATCTGC	ATCGATTCAA	2280
	CAACCATATG	GATACGGAAG	AATCGTTCGA	AATGCGTCAG	GTCGTTTAGA	ACGCATAGTT	2340
	GAAGAGAAAG	ATGCAACGCA	AGCTGAAAAG	GATATTAATG	AAATTAGTTC	AGGTATTTTT	2400
20	GCGTTTAATA	ATAAAACGTT	GTTTGAAAAA	TTAACACAAG	TGAAAAATGA	TAATGCGCAA	2460
	GGTGAATATT	ACCTCCCTGa	TGTATTGTCG	TTAATTTTAA	ATGATGGCGG	CATCGTAGAA	2520
	GTCTATCGTA	CCAATGATGT	TGAAGAAATC	ATGGGTGTAA	ATGATCGTGT	AATGCTTAGT	2580
25	CAGGCTGAGA	AGGCGATGCA	ACGTCGTACG	AATCATTATC	ACATGCTAAA	TGGTGTGACA	2640
	ATCATCGATC	CTGACAGCAC	TTATATTGGT	CCAGACGTTA	CAATTGGTAG	TGATACAGTC	2700
30	ATTGAACCAG	GCGTACGAAT	TAATGGTCGT	ACAGAAATTG	GCGAAGATGT	TGTTATTGGT	2760
	CAGTACTCTG	AAATTAACAA	TAGTACGATT	GAAAATGGTG	CATGTATTCA	ACAGTCTGTT	2820
	GTTAATGATG	CTAGCGTAGG	AGCGAATACT	AAGGTCGGAC	CGTTTGCGCA	ATTGAGACCA	2880
35	GGCGCGCAAT	TAGGTGCAGA	TGTTAAGGTT	GGAAATTTTG	TAGAAATTAA	AAAAGCAGAT	2940
	CTTAAAGATG	GTGCCAAGGT	TTCACATTTA	AGTTATATTG	GCGATGCTGT	AATTGGCGAA	3000
	CGTACTAATA	TTGGTTGCGG	AACGATTACA	GTTAACTATG	ATGGTGAAAA	TAAATTTAAA	3060
40	ActATCGTCG	GCAAAGATTC	ATTTGTAGGT	TGCAATGTTA	ATTTAGTAGC	ACCTGTAACA	3120
	ATTGGTGATG	ATGTATTGGT	GGCAGCTGGT	TCCACAATCA	CAGATGACGT	ACCAAATGAC	3180
	AGTTTAGCTG	TGGCAAGAGC	AAGACAAACA	ACAAAAGAAG	GATATAGGAA	ATAATCATTT	3240
45	ACGTATTTAA	AATGGCTAGG	ATAAAAGGAT	AATCCTATGT	AATATTAATG	TAATCTTTAT	3300
	GATTTAATGA	TTCGCATAGT	AATGGAGTTA	CATyTTATAT	ATAATAGTAA	TTGCGTAAGT	3360
50	AAATAATTGG	AGGACTATAA	ATGTTAAATA	ATGAATATAA	GAATTCGTCA	TTAAAGATTT	3420
	TTTCATTGAA	AGGAAACGAA	GCATTAGCGC	AAGAAGTTGC	TGACCAAGTA	GGAATTGAAC	3480

55

GTATTCGTGG TTGTGACGTA TTTATTATTC AACCAACATC ATATCCTGTG AATCTACATT 3600  
 TAATGGAATT ATTAATTATG ATTGATGCTT GTAAACGTGC TTCTGCAGCA ACAATCAATA 3660  
 5 TTGTAGTGCC ATATTATGGA TATGCAAGAC AAGATAGAAA AGCCCGTAGC CGTGAGCCAA 3720  
 TCACTGCTAA ATTAGTTGCA AACTTAATCG AAACAGctGG CGCAACTCGT ATGATTGCGT 3780  
 TAGACTTACA TGCACCACAA ATTCAAGGAT TCTTTGATAT TCCAATTGAC CACTTAATGG 3840  
 10 GTGTGCCAAT TCTTGCTAAA CATTTCAAAG ATGATCCGAA TATTAACCCA GAAGAATGTG 3900  
 TCGTTGTTcA CCAGACCATG GCGGsnTTAC ACGTGCACGT AAATTAGCTG ACATTTTAAA 3960  
 AACTCCAATT GCAATTATAG ATAAACGTCTG TCCTAGACCA AATGTTGCTG AAGTGATGAA 4020  
 15 CATTGTTGGT GAGATTGAAG GACGTACGGC AATTATTATT GACGATATTA TTGATACAGC 4080  
 AGGTACAATC ACTTTAGCTG CACAAGCATT AAAAGATAAA GGTGCTAAAG AAGTATATGC 4140  
 20 TTGTTGTACA CACCCTGTTT TATCAGGACC GGCTAAAGAA CGTATCGAAA ATTCTGCTAT 4200  
 AAAAGAATTA ATCGTAACAA ACTCAATTCA TTTAGATGAA GATCGCAAAC CATCTAACAC 4260  
 TAAAGAATTA TCTGTTGCTG GTTTAATCGC ACAAGCTATC ATTCGTGTAT ACGAAAGAGA 4320  
 25 ATCAGTTAGC GTATTATTTG ACTAATATTT AAAAGGCGTT TGACGAACAT ATTCCAAACG 4380  
 TGTATAATAG TTTCGTTTCGT GATTATACGA ATAAATAAAC ACTTGCAAGC AACGATGATG 4440  
 TTGATGGGTA AGTGAGGTGC TCGTTTTGAG CAAAATGAA AGGTGGAAAT GAGAATGGCT 4500  
 30 TCATTAAAGT CAATCATCCG TCAAGGTAAA CAAACACGTT CAGATCTTAA ACAATTAAGA 4560  
 AAATCTGGTA AAGTACCAGC AGTAGTATAC GGTTACGGTA CTAAAAACGT GTCAGTTAAA 4620  
 GTTGATGAAG TAGAATTCAT CAAAGTTATC CGTGAAGTAG GTCGTAACGG TGTATCGAA 4680  
 35 TTAGGCGTTG GTTCTAAAAC TATCAAAGTT ATGGTTGC 4718

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 300:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3181 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 300:

AAAATGCATA TAAATACATA TTAAGGAGGA TTTTATGAAT TTTCTTAAAC CTGCAAAGCA 60  
 50 TATTAAGCCT TTGCCAGAAA ATCAGATAGA TGATACCTAT AAACGATTAC GTCTCCAAGT 120  
 ATTTCTTGGT ATTTTCATCG GTTACGCTGG GTACTATTTA TTACGTAAAA ACTTTTCGTT 180

	TGCTGTTTCC ATCGCATATG GATTTAGTAA GTTCTTTATG GGTACTGTAA gTGATCGGAG	300
	CAATGCTCGG ATATTCTTAG TTCTTGGATT AGCACTCACT GCTATCGTCA ATTTGTTAAT	360
5	GGGATTGTGA CCGTTCTTTA CATCAGGTAT CGGTATTATG TTTGTCCTAT TATTCTTAAA	420
	TGGATGGTTT CAAGGTATGG GCTGGCCACC TTCAGGCCGT GTTCTCGTTC ACTGGTTTAG	480
	TGTAAGTGAA CGCGGAAGTA AGACTGCCCT TTGGAACGTT GCGCATAATG TTGGTGGAGG	540
10	TATTATGGCA CCTATTGCTG CTTGGGGTAT TACAACAACCT GCATTTATCA ACTTTGGTTA	600
	TTTAAAAGGT TTCGAAGGTG TATTCATTTA CCCTGCACTC TTAGCACTTA TCATTGCCGC	660
	AATTTCATAC GTATTGATTA GAGACACACC TCAATCTCAA GGTTTACCTC CAATCGAAAT	720
15	TTATAAAAAT GACTTTGCTA CAAGCGATAA GAAAACATTA GAAACAGAAT TAACTACAAA	780
	AGAAATTTTA TTTAAATATG TACTGAACAA TAAATGGGTA TGGGCAATTG CCTTTGCAAA	840
20	TATATTTGTT TATTTCTGTC GTTATGGTGT ACTTGATTGG GCGCCAGTCT ACTTAAGTGA	900
	AGAAAAACAT TTCGACTTAA AAGCATCAGG TTGGGCATAC TTCTTATACG AATGGGCTGG	960
	AATTCCTGGT ACATTATTAT GTGGTTACAT TTCTGATAAA TTATTCAAAG GTCGTCGTGG	1020
25	ACCTGCAGGT TTCTTCTTTA TGTTAGGTGT CACAGTATTT GTATTAATTT ATTGGTTAAA	1080
	TCCTCCAGGC AATGCTTGGT TAGACAATGT CTCATTAATT GCCATTGGTT TCTTAATATA	1140
	TGGACCAGTT ATGTTAATTG GTTTACAAGC ATTAGATTAT GTACCTAAAA AAGCAGCTGG	1200
30	CACAGcAGCT GGATTAACAG GATTATTTGG TTATCTGTTT GGTGCTGTAA TGGCCAACAT	1260
	CGTCTTAGGT GCTGTAGTTG ATAAATTCGG ATGGGATGTC GGTTTTATTT TATTAACAGC	1320
	AATTAGTGTG TTTGCAATGT TGAGCTTTAT CCTCACTTGG AATAAAGTAG GACAAGAAAC	1380
35	CGTTCATCAT TAAATGATAA AAAATAAAGT CATATGGTTA TCTTATCGAA AGATGATATA	1440
	TTCATCTCTT ATAAGTTCAA CCATATGACT TTTTATTAGT ATTCAAAAAA ATATTTACAT	1500
40	TGCCACTTTT GTGTTTGCCC TGCTGTTTTA TTCAATTGAT TACACCACTT AGGATAAACT	1560
	CTAAAAGCCA TTTTCCCTTG ATACTTAGAT GAAGCTAAGA TACCTTTTTT TACCAATAAT	1620
	TCCCTAGGAA ATAGAAAGTA GCCATTTAAT TCATCATCGA TAACAGCAAC AATCAGGTAA	1680
45	TCAGCAAACCT CTTCAATTTT GTATGGCCGA TTATAATTAT CtTCGTCTTT TGTCCAACAT	1740
	GTCACGAAAT ATCCCGATTT AGTCGGTGTT TTCTTAGCTA ACCTACTTTG ATATGTTTCC	1800
	TCTTTAAAGC TAAATGTTAA TGCyTCGTAA TCTTGATTAT ATTTTCTTC AGTTAAATCT	1860
50	TTAACTTCTG ATTCTTCACT AAAAATATTT TTCAACAGTA TTTTAGATTT ACACATATGC	1920
	CAATCTCACT TTATTTTTTC ATAATCGTAT CATATATTTA TTTTTTTCGA AAAATACACT	1980

TGTATCAACT GTCAAACGAT CACGTAATAA ATAGACGATT AACATTGcTG CTAAAGCACA 2100  
 AAGTGACTCA GCAATTAATA ATGACCAAAT GACACCTGTT AGTCCAAACA AAGCATTTCAT 2160  
 5 AATAAATAAT ACTGGAATGA TAATTGCACC TTGTAAAATG GCCATAATTG TAGCACCACG 2220  
 ACCTTGCCCA GTCGCTTGAA GCATACCAGT AAACAAGAAA CCTATACCAT TTAATAATAA 2280  
 TGATGCCATT GTTACTTTCA AAATAAATGt CGCCATCTCA ACAATGGCTT GATCAGTAGT 2340  
 10 AAATAGTCCG ACCATATGAT GTCCAATTGT AAATACAGCA CTCATACATA CAACAAAGAT 2400  
 AACGCCGATA GACATGATAA CTGCTTTGAT AACGTCTTTC ATACGGCCTT TATTTGCCAT 2460  
 AAAGTTATAT GCAATTAGTG GTACAACACC TTCACATAAT CCCATGATAA TAAGTTCTGG 2520  
 15 aAATTGCACA AGTCTAAATG AGATACCATA ACTTGCaATC GCGAAGTTTC CATAATGTGC 2580  
 TAAAAATAAA TTTAAAACTA ATCCTGTGAA TCCCATTAAG ATACTCATTa AAAATGCAGG 2640  
 AATACCGATT TTAAAGATTT CAGAAAGCAT TTCTTTATTA GGTTCGCAA GTTTAATATT 2700  
 20 AACTGACACA ACGTCACTAT TTTTCATAAA ATAAATGATA AAGAACAGAG CAGCAGCAAC 2760  
 ATTACTGATT GCAGTACCCA AAGCTGcACC AACAACGTTT aAATCAAAAC CAAAAATTAA 2820  
 25 AATTGGATCT AAAATAATAT TTAAGCCTAC ACTAGCTAAC ATACCAATCA TAGAAACCAT 2880  
 TGGTGCCCCA ATTGCACGTG CAAATTGTTC TAATATGAAG AACAAAATTA CAAAAGGTGC 2940  
 ACTTAAAAAC ATTACTTTCA AATAATTACT TGTTAAAGCT AACGTTTCAC CTCTCGCCCC 3000  
 30 TAAAATTGCT GCGATTTGAT CACTGAATGG TAAAGTAACT AAAATCACGA TAAGTCCTAG 3060  
 TGCAATACCA CCATAAATAG AGAAACTACT TACAAATTTA CTCTTAmTAT AGTCTTTTCGC 3120  
 ACCTAATAAA CGTGAAATAT AAGTTCCTGC ACCAACGCCA AATAAATTAC CTAACCCCAT 3180  
 35 T 3181

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 301:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4029 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 301:

TCATCACCTT CAAATAAATA GGCATGCGAT AATTTATTTG AATGATATGC ATTCGTCAAT 60  
 50 TGTTGCTGTT CATCCATTCA TTACAAACTC CCTTTTGCTT TTATATAAAA AGGTTGCCAA 120  
 AGAGCAACTA ATTACTGCAA CAATAGCGAC CATGATTTGT GATTATTTTT AGAACCACAA 180

	TTATTAATAC ACTATTTTAA GTATCTCTAA TTGATGATTG TATTATAGAA TTAAAATTGA	300
	TGGAATGCAT CAACTGGCAT AACAAATACA GTAGCACCGC CAACTTCAAC TTCAACTGGA	360
5	TATGGAATGT ACGAATCCGC ACTGCCTCCC ATAGGTGTAA TAGGTGAAAC CAACTGTTCT	420
	CTATTACCAC ACGTTTGATT AATCACAGAC AATATTTTCAT CTACACGGTC ATCATTGACA	480
	CCACATAAGA ATGTTGTATT ACCCGCTCTT AAAAACCAC CTGTTGTTGC CAATTTTGTT	540
10	GCTCTAAAGT TATTTTAAAC AAGTTGATCT GCAAGTTCCT GACTATCTTG ATCTTGACG	600
	ATCGCTATAA TCATTTTCAT TTTATAACAC CTCTTCTAAC AATTATATCA TATCTTTTCT	660
15	AAATATTTGA TGATAGTTTG ATACGTGTCT TCAACAACAT TTTCAAGAGG TTGATCTGCA	720
	TTAACGCTTT TGAACCGTTG TGATTCATTA TGAATGATTT CTTGGTAACC TTCAATTACT	780
	TTTTCGTGAA CTTTAAATCT TCTTGATCTA ATCTATTTTG ATCTCTTGAA TTTTAAATAA	840
20	TACGTTTCGC ACCTACTTCA GCACTAACAT TTAAATAAAT CGTCAAGTCT GGATATAATC	900
	CATTTATTGC AAATTCGTTT AATGCTCTTA CTTCTTCAAC GCCAATCCCT CTAGCATAAC	960
	CTTGATAAGC TAATGAAC TAATGAAC TCGATATAGC GATCACACAA CACAACCTTA CCTTCTTTTA	1020
25	AAGCTGGTAT GACCTTTAAT ACAAGATGTT CTCTTCTAGA TGCAGCAAAT AACATTGCTT	1080
	CaGtCtAAT GTCCATATCA TTGCCCTTCT AATACAATTT TACGTATTTT TTCACCAGTA	1140
	GGAACACCAC CTGGTTCTCT AGTCATAATG ACATCATAAT CTTTTACTAA TCTATGGTAA	1200
30	ACTTCATTAA TTACAGTTGT TTTTCCAGAG CCTTCTGGGC CCTCAAAAGT TATAAAAGCT	1260
	GACATTTTAT TCATCCTCAA CTAAAATTTT ATTATTTTTA ATTCCCTCAA CTATCATTCC	1320
	AGTTTCCAGA TATTCATTTA CCAATTCTAT CATATTTTCA GTTATTGTTT CTCCTTTGAA	1380
35	AATAATAGGA ATcCCTGGcG GATACGGGAC AATATGTCGC GCCAGAACTT TACCTTTgCC	1440
	TTTTCAAATC ACACCAAGTA ACATATTCAA AGCGTTTTGG TTTATAGTTA CCTTCAGTyG	1500
40	TTAAAAGTTG TGTTTGTTTA ACTTTAGAAA CTGATTTTTT CGGTAAAATC ATATCTTCAA	1560
	TTTTACGTAA AAGCGAATCA AATAAATACG TATCATCATG ATGCCATAAC GGCAATATCG	1620
	CTAATGCTTG ATAGTCGTCC GCTAATTCTA AATAGATATG TGCATTCATA AACCAATTTT	1680
45	GAATATCATG ACCTGTAAAA CCTTCATATT TTATCAGCAA CTTCAACGGA TCATCAACTT	1740
	GAAGCATTTT AAAACCCTTC TTCTCCAAAC ATTCGATTAA TTGCGCTCTC TTATCAAAAA	1800
	ACACGGTACT ATCATATGTT TTATAGAACT CGGCAGCTGA CTCTAAACTA GCCATAATCA	1860
50	AATACGAAGG ACTAGATGTT TGGAAGTAGC TTAGATATTC TATAATAGTT TCTCTATAAG	1920
	GTGCATTTTT ATGAATATAA AGTACCGAGC CCATCGTTAA AGCTGGTAAC GTTTTATGAA	1980

55



	CAAAGTGCGC GCCGTGTGCT TCGTCAATGA GTACAGGAAT ATTTAATTGG TGCAAAGATT	2100
	TGATAACCTC TTCTACATTA AATGTTTCAC CGTAATAGTT AGGATAAGTC AACACAGCAA	2160
5	GTTTGTGACC GTCATTATTC AAACGGCTTA AATTAACTTT ATTATAATGA TTCGTTAACG	2220
	GACTTTGATG CGTTTCAATA AAATGCCCTT CTTGTTGGCT AATATCGAGC GCATGTAACA	2280
	CAGATTTATG TACATTTCTT GCCATTAAGA TATCGCCTTT TTTCTGTGAA AAAGACTGGA	2340
10	TGACAGATAA TATTCCTGAA GTGGTGCCAT TCACTAAGAA ATAAGCATCA TAATCTGAAT	2400
	GTTTCTCCAC CTGCTTCATA CTTTCCAAAA TGACTIONTCTC AGGATGATGT AAATCAnCTn	2460
	AATCCAGGTA TTTCACTTTT ATCCATTGTC ATTGATAATT GAGATAAATG ACCGATAGTC	2520
15	ATATTTTTAT GACCCGGAAC ATGCAAAGAA ATCGCTTCTT CTTGATTAA ACTTTCTAAT	2580
	TTATTTAAAA TAGGTTGCTT CATGATATAC GCTTCCTTTA TTTACACTGT TTTGGAATTA	2640
20	GTTACTTTCA AAAGTATTAA TTATATAGTA ACACTTCTTT GACAAAAGTT AGTGTTACTT	2700
	ATGCAATAGC TTGTCTATTG TATAATAATT AATTTCCTTT TTGTACTTCG ATTTAAAAGA	2760
	TATTAGACAT AAAATCTAAA AACAGCAGTA AGATGATTTA TGATTAAAAA CTATCTTACT	2820
25	GCTGTTCACT TTTTATAATA CTTCTGAATG TCTTCACTTA TACTTCTAGT CACAGATTTA	2880
	AATAATCAAA AGTGCACATT ATTAAAATAT CAATTTCACTA CTCAATGCGG CTCATCGCAT	2940
	TCATTTCTTG TCTAGCAACG TTCTACTCTA GCGGAACGTA AGTTAGCTAC CATCCTCGCT	3000
30	AAGAACCTTT CTTGACTTGT GACAATCGCT TGCTTCTTTC CTCTCCTTCG GCTCTCGCTT	3060
	ACTCATTAG CTCTACTAAA CTCGTTGCGC TCTTTTCTCG TTTCGTCAGA TTCAAACGTT	3120
	TTCACTTCGC CAAGCCATTT TTCTTTGTGT TTACTIONTTA TTTTGACGTT TTAGACATAA	3180
35	AAAAAGAGAC CTCACGGTCT CAACTTGCCT GGCAACGTTT TACTCTAGCG GAACGTAAGT	3240
	TGGCTACCAT CGTCGCTAAA GACCTTTCTT GACTTGTGAC AATCGCTTGC TTCTTTCTCT	3300
40	TCCTTCGGCT CTCGCTTACT CATTAGCTC TACTAACTC GTTGCGCTCT TTTCTCGTTT	3360
	CGTCAGATTC AAACGTTTTT ACTTCGCCAA GCCATTTTTT TTTGTGTTTA CTTTTTATTT	3420
	TGACGTTTTA GxCATAAAAA AAAGAGACcT TGCGGTCTCA ATGCGGCTCA TCGCATCCAT	3480
45	TTTTTGCTTG GCAACGTTCT ACTCTAGCGG AACGTAAGTT GGCTACCATC GwCGCTAAgA	3540
	aCCTTTCTTG ACTTGTGACA ATCGCTTGCT TCTTCTCTCT yCTTCGGCTC TCGCTTACTC	3600
	ATTTAGCTCT ACTAACTCG TTGCGCTCTT TTCTCGTTTC GTCAGATTCA AACGTTTTCA	3660
50	CTTCGCCAAG CCATTTTTCT TTGTGTTTGC TTTTTATTTT GACGTTTTAG ACATAAAAAA	3720
	AAGAGACCTT GCGGTCTCAA TGCGGCTCAT CGCATCCATT TTTTGCTTGG CAACGTTCTA	3780

CATGGGAACA GGTGTGACCT CCTTGCTATA GTCACCAGAC ATATGAATGT AATTTATACA 3900  
 TTCAAACTA GATAGTAAGT gAAAAGTGA TTTTGCTTCG CAAAACATTT ATTTTGGATT 3960  
 5 AAGTCTTCGA TCGATTAGTG ATTCGTGCAG CTCCACATGT GCACCATGCT TGCCACCTCG 4020  
 GAACCTATT 4029

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 302:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 7159 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 302:

20 GATGCAATAG TTGAGTAGTT ATAAGTAGCT ACATACAACC GCTCAAATAT AGGTTCAAGA 60  
 ACATTTTTTAA TGAAGAAAGC GATTTTCCCG CAGAGTGCAA ACGCTTGACT CAATAACGAA 120  
 ATGTCACCTA TGTATGGCGT GACTTATTAT ACAGGAGGTG CAAAGTATGT TTGCTATTAT 180  
 25 TGAAACAGGT GGAAAACAAA TCAAAGTAGA AGAAGGTCAA GAAATCTTCG TTGAAAAATT 240  
 AGACGTAAAC GAAGGAGATA CTTTACATT TGATAAAGTA TTATTTGTAG GTGGAGATTC 300  
 AGTTAAAGTT GGAGCGCCAA CAGTTGAAGG TGCAACAGTT ACTGCTACTG TTAATAAACA 360  
 30 AGGTCGCGGT AAAAAAATCA CTGTATTCAC ATACAAACGT CGTAAAAATT CAAAACGTAA 420  
 AAAAGGCCAT CGTCAACCAT AACTAAATT AACAAATCGAT AAAATCAACG CGTAATTATT 480  
 ATGATTACTG TTGATATTAC AGTTAATGAT GAAGGCAAAG TAACAGACGT TATTATGGAT 540  
 35 GGCCATGCTG accATGGTGa ATATGGTCAT GATATCGTTT GTGCTGGAGC TTCaGCTGTA 600  
 TTGTTGGTA GTGTTAATGC GATTATAGGA TTGACATCTG AGAGACCAGA TATCAATTAT 660  
 GACGACAATG GTGGTCATTT TCATATAAGA AGCGTTGATA CAAACAACGA TGAAGCGCAA 720  
 40 CTAATTCTTC AAACAATGCT TGTGTCTTTA CAACTATTG AAGAAGAATA TAATGAGAAT 780  
 ATTAGATTAA ATTATAAGTG AGGTGCATTC CGATGTTAAA ATTAACTTA CAATTCCTCG 840  
 45 CATCTAAAAA AGGGGTAAAGT TCTACAAAAA ACGGACGTGA CTCTGAATCA AAACGCTTAG 900  
 GTGCTAAACG TGCTGACGGT CAATTCGTAA CAGGTGGTTC AATTTTATAT CGCCAACGTG 960  
 GACTAAAAT TTACCCTGGT GAAAATGTAG GTCGTGGTGG CGATGATACA TTATTCGCTA 1020  
 50 AAATCGACGG CGTTGTAAA TTCGAACGTA AAGGTCGCGA CAAAAACAA GTTTCTGTAT 1080  
 ATGCAGTAGC TGAATAATTT TGTCTAGTTA ACACCAGAAG TGAATCTTCT GGTGTTT 1140

	AGACGTTATA CTAAATGTGC ActGTATAAG AGCCCCTAAT CACTAAACTA TAAGGGGGAC	1260
	AAAGGAATAC AGTTGCAGCG TTAAAGAAT AACTGTACC ACAATTGGTG CTGAGAAATA	1320
5	TAAGTATTTT AAAGCAAAGA TTTATAAAAG TAACTGCATA AGAGCCCCTA ATTATTTACA	1380
	ATATATAAGG GGCTCTAATA TGCTATAATT ATTGGGAAAA TGAAAATTAT ATGTAAAAGA	1440
10	GGTGAGATAT ATGTTTGTCTG ATCAAGTCAA AATATCTCTT AAAGCCGGTG ATGGTGGTAA	1500
	TGGTATTACC GCATACAGAA GAGAAAAATA TGTACCATTT GGTGGACCAG CTGGCGGTGA	1560
	CGGTGGTAAA GGTGCTTCAG TCGTATTTGA AGTGGATGAA GGTTTAAGAA CGTTATTAGA	1620
15	TTTTAGATAT CAACGTCATT TTAAAGCAAG CAAAGGTGAA AATGGCCAAA GTAGTAATAT	1680
	GCATGGTAAA AATGCGGAAG ATTTAGTATT AAAAGTTCCA CCTGGTACAA TTATTAAAAA	1740
	TGTTGAAACA GACGAAGTGT TAGCAGATCT TGTTGAAGAT GGTCAAAGAG CTGTAGTAGC	1800
20	GAAGGGCGGT CGAGGTGGCC GAGGTAATTC ACGTTTGTCA ACACCTAGAA ACCCTGCACC	1860
	TGACTTCAGT GAAAAAGGTG AACCAGGTGA GGAATTAGAT GTATCTTTAG AATTGAAATT	1920
	ATTAGCTGAT GTAGGATTAG TAGGTTTCCC TAGTGTGGGT AAATCGACTT TATTATCTAT	1980
25	CGTTTCAAAA GCTAAGCCTA AAATTGGGGC ATATCATTTT ACAACGATTA AACCAAATCT	2040
	AGGTGTTGTT TCAACGCCTG ATCAACGTAG TTTTGTATG GCAGATTTAC CAGGTTTAAT	2100
	TGAAGGTGCA TCTGATGGCG TTGGATTAGG ACATCAATTT TTAAGACATG TAGAGAGAAC	2160
30	AAAAGTTATT GTTCACATGA TTGATATGAG CGGTTCTGAA GGTAGAGAAC CTATTGAAGA	2220
	TTATAAAGTC ATTAATCAAG AATTAGCTGC GTACGAGCAA CGTTTAGAAG ATAGACCTCA	2280
35	AATCGTAGTA GCTAACAAGA TGGATTTACC TGAATCACAA GATAATTTAA ACTTGTTTAA	2340
	AGAAGAAATT GCGAAGATG TGCCAGTTAT TCCAGTTTCA ACAATAACGC GTGATAATAT	2400
	TGATCAATTA TTATATGCAA TAGCAGATAA ATTAGAAGAA TATAAAGATG TTGACTTCAC	2460
40	AGTTGAAGAA GAGGAGTCAG TTGGCATTAA CCGAGTATTA TATAAACATA CACCGTCACA	2520
	AGATAAATTT ACAATTTCAA GAGATGATGA TGGTGCTTAT GTGGTAAGTG GTAATGCTAT	2580
	TGAAAGAATG TTTAAATGA CTGACTTTAA CAGTGATCCA GCAGTACGTC GATTGCTCG	2640
45	TCAAATGCGT TCGATGGGTA TTGATGATGC GCTTAGAGAA CGTGGTTGTA AAAATGGTGA	2700
	TATCGTTAGA ATTCTTGGCG GAGAATTTGA ATTCGTTGAA TAGGAGCGAA ACATGATGGA	2760
	CAATAAAGAT TATAAAAAGT TTTATTTAAT TAGAGAAGAT GTCTTGCCCTG AATCCGTGGT	2820
50	TAAACATTG AAGATTAAAG ATGCCTTAAA AAGTGATCCG ACATTGTCCA TTTATGATGC	2880
	CGTTAAACAG TTTGATCTAT CTAGAAGTGC TTTTATAAAA TATAGAGAAA CGATATTTCC	2940

55

	TGTTGGTATG TTGGCACGTG TACTAGATGT TATATCAAAG TTAGAACTAT CTGTATTAAC	3060
	GATTCATCAA AGTATTCCAA TGGAAGAAAA AGCAACAATA ACATTATCAC TGAATGCTAA	3120
5	ATCTAAAGAA ACTTCAGTAG AAGATGTTAT TGGCGCTTTG AGAAATTTAG ATTATGTATC	3180
	AAAAGTAGAA TTAATTAGTA TGAGTATGTA AGGATGTGCC TATAATGTAC GCGTATGTCA	3240
	AAGGTAAGTT AACACATTTA TATCCTACAC ACGTAGTTGT TGAAACTGCT GGTGTTGGTT	3300
10	ATGAAATTCA AACACCAAAT TCTTATCGTT TTCAAAGCA TCTAGATCAT GAAGTTTAA	3360
	TTCATACATC TTTAATTGTT CGTGAAGATG CACAATTATT GTATGGATTT AGTAGTGAAG	3420
	AAGAGAAAGA TATGTTCTTG AGTTTAATTA AAGTTACTGG TATTGGTCCG AAATCAGCTT	3480
15	TAGCTATTTT AGCGACAAGT ACGCCTAATG AAGTAAAACG TGCCATTGAA AATGAAAATG	3540
	ATACGTATTT AACTAAATTC CCAGGAATTG GTAAGAAAAC GGCAAGACAG ATTGTCTTAG	3600
20	ATTTAAAAGG TAAAGTGAAA ATTACTGAAG AAGATAGCGA TTCATTATTA CAAGTAGACG	3660
	CTACTTCGAC GGTGCAAGAT CAATTCGTGC AAGAAGCAAT GTTAGCGTTA GAAGCATTAG	3720
	GTTATTCTAA ACGAGAGCTT GCAAAAGTTG AGAAAACGTT AAATAAAAAT AAATATGACT	3780
25	CAGTTGATGA AGCTGTTAAG GCAGGTCTTC AATTAGTTGT ATCTTAATTT TAAATAGATT	3840
	AATAGGGGAA GTGTTGTCAT GAATGAGCGT ATGGTTGATC AATCAATGCA TAGTGAAGAA	3900
	ACTGATTTTCG AATTGTCGCT TAGACCTACG AGATTACGAC AATATATTGG TCAAAATTCA	3960
30	ATAAAAAGTA ATTTAGAAGT ATTTATTAAA GCGGCTAAAC TTCGTCATGA ACCATTAGAT	4020
	CATGTATTGC TTTTGGCCC CCCTGGATTA GGTAAGACAA CATTATCTAA TATCATTGCC	4080
	AATGAAATGG AAGTTAATAT ACGTACAGTA TCAGGGCCTT CATTAGAAAG ACCTGGTGAT	4140
35	TTGGCTGCAA TTTTATCAGG ACTTCAACCT GGAGATGTTT TGTTTATTGA TGAAATACAC	4200
	AGACTGAGTA GTGTTGTTGA AGAAGTGTTA TACCCTGCAA TGGAAGATTT CTTTTTAGAT	4260
40	ATTATCATTG GTAAAGGCCA TGAGGCTAGA AGTATCCGTA TCGACTTACC TCCATTCACT	4320
	TTGGTAGGTG CAACAACGCG AGCTGGCAGC TTAACAGGTC CACTAAGGGA TCGATTTGGT	4380
	GTGCACTTAA GATTAGAATA TTATAACGAA TCAGATTTAA AAGAAATCAT TATTAGAACA	4440
45	GCTGAGGTTT TAGGCACAGG TATTGATGAA GAAAGTGCCA TTGAACTTGC TAAACGTTCT	4500
	AGAGGGACTC CAAGAGTAGC AAATCGACTA TTGAAGCGGG TAAGAGACTT CCAGCAAGTG	4560
	AATGAAGATG AACAAATATA CATTGAAACA ACGAAGCACG CATTAGGTTT ACTTCAAGTT	4620
50	GATCAACACG GACTAGATTA CATTGATCAT AAAATGATGA ACTGTATTAT TAAGCAGTAT	4680
	AATGGCGGAC CTGTTGGTTT AGATACGATT GCCGTAACAA TTGGTGAAGA ACGTATTACA	4740

55

	GGCAGAAAAG CAACACCATT AGCTTATGAA CATTTTGCAA AGTCGAATGA GGAGAGAGAA	4860
	TAACGTGAAT ATTGAAGAAT TTGACTATGA CTTACCAGAA TCATTAATTG CTCAAACGCC	4920
5	TTTAAAAGAT CGTGATCATA GTCGTTTATT AGTCATGGAT AGAGAAACTG GTGAAATGAA	4980
	ACATTTACAT TTCAAAGATA TCATTGAGTA TTTTAGACCT GGTGATACAT TAGTGCTTAA	5040
10	CGATACGCGA GTAATGCCAG CTAGACTTTT TGGTTTAAAA GAAGAAACTG GTGCAAAAGT	5100
	TGAAATGTTA ATGTTAACTC AAATTGAAGG TAATGATTGG GAAGTCTTAC TGAAACCAGC	5160
	TAAGCGTATT AAAGTTGGTA ATAAATTGAA TTTTGGTAAT GGCAAAATTA TAGCTGAATG	5220
15	CATAAAAGAA ATGGATCAAG GTGGACGCAT CATGCGTTTA CATTATGAAG GTATTTTACA	5280
	AGAAAGATTA GATGAATTAG GGGAAATGCC ACTGCCACCA TACATCAAAG AACGTTTAGA	5340
	TGATCCAGAT CGTTATCAAA CAGTTTACGC TAAAGAAAGT GGTTCAGCGG CAGCACCAAC	5400
20	AGCAGGATTA CATTTTACTG ATGAGTTATT AATTGAAATT AAAAATAAAG GTGTTAATAT	5460
	CGCATTTGTT ACATTACATG TTGGGTTAGG TACGTTTAGA CCGGTGAGCG TAGACGATGT	5520
	GAATGACCAC GAAATGCATA GTGAATATTA TCAAATGACm CAAGAAACAG CTGATTTATT	5580
25	AAATGATACT AAGcCAAAGG ACATCGCATT ATATCAGTTG GTACAACTTC AACACGTACA	5640
	CTTGAAACAA TTCGACGCGA TCATGATAAA TTTGTTGAAA CGAGTGGCTG GACTAATATA	5700
	TTTATTTATC CAGGATTTGA TTTTAAAGCA ATTGATGGCC AGATTACTAA TTTTCATTTA	5760
30	CCAAAATCAA CATTAGTTAT GCTAGTATCA GCGTTTAGTA GTCGTGAAAA TGTCTGAAT	5820
	GCTTATAAAA CGGCAGTAAA TTTAGAATAT AGATTCTTTA GTTTTGGCGA TGCAATGTTA	5880
35	ATTATATAAA AAGAATGTGA GGATTTTGAA TATGCCTGCA GTAACATACG AACACATTAA	5940
	AACTTGTAAG CAATCAGGTG CGCGTTTAGG TATCGTGCAC ACACCACACG GTTCATTTGA	6000
	AACACCTATG TTTATGCCAG TTGGTACTAA AGCAACCGTT AAAACAATGA GTCCAGAAGA	6060
40	GTTAAGACAA ATTGAAGCAA AAATCATTTT GGGCAACACA TATCATTTGT GGTTACAACC	6120
	CGGAAATGAT ATTATCAAAC ACGCTGGGGG ATTACATAAA TTCATGAATT GGGATGGTCC	6180
	GATTCTTACA GATTCAGGCG GTTTCCAAGT GTTTAGTTTA AGTAATTTAC GTAAAATTAC	6240
45	AGAAGAAGGC GTGGAATTTA GACATCATAC TAATGGGTCT AAATTATTTT TGAGTCCTGA	6300
	GAAATCAATG CAAATTCAAA ATGATTTAGG ATCTGATATT ATGATGGCAT TTGATGAATG	6360
	TCCACCGATG CCTGCTGAAT ATGATTATGT AAAAAATCT ATTGAACGTA CAACACGTTG	6420
50	GGCGAAAAGA TGTCTAGATG CACACCAAAG ACCTGAAGAT CAAGCATTGT TCGGCATTAT	6480
	ACAAGGTGGC GAATATGAAG ATTTAAGAGA ACAAAGTGCA AAGGATTTAG TAGAATTAGA	6540

55



AATGGTTGAA CATACAGAGC AGTTTATGCC TAAAGATAAA CCAAGATATT TAATGGGTGT 6660  
 AGGATCTCCa GATGCGTTAA TCGAATGTAG TATTCGCGGC ATGGATATGT TTGATTGTGT 6720  
 5 CTTACCGACA CGTATTGCCA GAAATGGTAC TTGTATGACA TCGCAAGGTC GTTTAGTTAT 6780  
 TAAAAATGCA AAATTTGCAG ATGATTTAAG ACCGTTAGAT GAGAATTGTG ACTGTTATAC 6840  
 ATGTCAAAAC TATTCAAGAG CGTATATACG TCATTTAATC AAGGCAGAGG AAAC TTTTGG 6900  
 10 TATTCGTCTT ACTACTATTC ATAATTTACA TTTTCTGCTA AAATTAATGG AAGATATAAG 6960  
 ACAAGCCATT CGAGAAGATC GTCTTTTAGA TTTCAAAGAA GAATTCTTCG AGCAATATGG 7020  
 15 ATTAAATGTT GAGAACCCAA AAAACTTTTA AGCAAGAGGA GCGTATAAAA TGCAATTTTC 7080  
 ATTACTAATA TATATAGTCG TAATTTTTGC GGTATGTAT TTCTTGATGA TCAGACCACA 7140  
 ACAAAAAC TGCGAAACA 7159

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 303:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3159 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 25 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 303:

30 TCCATTTATA GAAATTTCTA AAGCAGAAaA TAAGATAGAA GATATCGGCC AAGGTGCAGA 60  
 AATCATCAAA AGAACACAAG ACATTACTAG CAAACGATTA GCTATAACTC AAAACATTCA 120  
 35 ATTTGATTTT GTAAAAGATA AAAAATATAA CAAAGATGCC CTAGTTGTTA AGATGCAAGG 180  
 CTTCATTAGC TCTAGAAaCAA CATATTCAGA CTAAAAAAA TATCCATATA TAAAAGAAT 240  
 GATATGGCCA TTTCAATATA ATATCAGTTT GAaAACGAAA GACTCTAATG TTGATTTAAT 300  
 40 TAATTATCTT CCTAAAAATA rAATTGATTC AGCAGATGTT AGTCAGAAAT TAGGCTATAA 360  
 TATCGGCGGA AACTTCCAAT CAGCGCCATC AATCGGAGGC AGTGGCTCAT TCAACTACTC 420  
 TAAAACAATT AGTTATAATC AAAAAAACTA TGTTACTGAA GTAGAAAGTC AGAACTCTAA 480  
 45 AGGTGTTAAA TGGGGAGTGA AAGCAAATTC ATTCGTTACA CCGAATGGTC AAGTATCTGC 540  
 ATATGATCAA TACTTATTTG CACAAGACCC AACTGGTCCA GCAGCAGAG ACTATTTTCGT 600  
 50 CCCAGATAAT CAACTACCTC CTTAATTCA AAGTGGCTTT AATCCATCAT TTATTACAAC 660  
 ATTGTCACAC GAAAGAGGTA AAGGTGATAA AAGCGAGTTT GAAATcACTT ACGGCAGAAA 720  
 CATGGATGCT ACATATGCTT ACGTGACAAG ACATCGTTTA GCCGTTGATA GAAAACATGA 780

	AAAAATTAAA AGCATCACAC CTAAGTAAAC AGTTCaATCA TCTTAAAAAA TCCTGGGACA	900
	CTTCATACTT GTCTCAGGAT TTTTmACAA ATTGAATCAG CCTCATAACA TTAAATTATT	960
5	TTATCGTACA TTAAATTTAA TAATAACAAC TGATTTTTAT AAGAATAAAG TATCGAmCCA	1020
	TAGTAGATAC ACAAATAATA CAAATGAAAC AATTTAACTT GAAAGCTTAa ATAAATATTA	1080
	TCAAGTTAAT AAACAATTAA TTTTtagATG GATTCATCAA AAATCGTAAA AAAGCACAAT	1140
10	TTGTATTTTA CAAACATTAA TTAAAAAGA AAGCAAGACA TTCGTGCAAT CGGTTACCTT	1200
	AAATTGTTTA CAACTGTCAA CAATACCAAG GTTTTATTAA CTATATTTCT CACAAAATTA	1260
	GCTTTTAGCA TTCCAAACAA AAAAGGTAA ATCGAACGGA ATTATGGCAT TTTTAACTTA	1320
15	ATTGTAAAAA AAGTTGATAA TGGTCAATTG TTAATGAACA GTTAATTATA ATAACGCCCA	1380
	AAATATATTA TTATTTAATT AAGTTAAATA AAATTATAGA AAGAAAGTGA AACTTATGCT	1440
20	TAAAAATAAA ATATTAACTA CAACTTTATC TGTGAGCTTA CTTGCCCTC TTGCCAATCC	1500
	GTTATTAGAA AATGclAAAG CTGCTAACGA TACTGAAGAC ATCGGTAAAG GAAGCGATAT	1560
	AGAAATTATC AAAAGGACAG AAGATAAAC AAGTAATAAA TGGGGCGTGA CTCAAATAT	1620
25	TCAATTIGAT TTTGTAAAGG ATAAAAATA TAACAAAGAT GCTTTGATAT TAAAGATGCA	1680
	AGGATTCATT AGCTCTAGAA CAACATATTA CAACTATAAA AAACTAATC ATGTTAAAGC	1740
	TATGCGATGG CCATTCCAAT aTaATATTGG TTTAAAAACA AATGATAAAT ATGTTTCTTT	1800
30	AATTAATTAT TTACCTAAAA ATAAATTGA ATCTACAAAC GTGAGTCAGA CATTAGGATA	1860
	CAATATCGGT GGTAATTTCC AATCAGCCCC ATCACTCGGT GGTAATGGAT CATTTAACTA	1920
35	TTCTAAATCG ATTAGCTATA CACAACAAAA TTATGTAAGT GAAGTAGAAC AACAAACTC	1980
	AAAAAGTGTT TTATGGGGCG TCAAAGCGAA TTCATTCGCC ACTGAATCAG GTCAAAAATC	2040
	AGCCTTTGAT AGCGATTTAT TTGTAGGCTA CAAACCTCAT AGTAAAGATC CTAGAGATTA	2100
40	TTTCGTTCCA GACAGTGAGT TACCACCTCT TGTACAAAGT GGATTTAACC CTTCATTTAT	2160
	CGCCACAGTA TCTCATGAAA AAGGTTCAAG CGATACAAGC GAATTTGAAA TTAATTACGG	2220
	AAGAAACATG GATGTCACTC ATGCCATTAA AAGATCAACG CATTATGGCA ACAGTTATTT	2280
45	AGACGGACAT AGAGTCCATA ATGCATTGT AAATAGAAAC TATACTGTGA AATACGAGGT	2340
	CAATTGGAAG ACTCATGAAA TCAAGGTGAA AGGACAGAAT TGATATGAAA ATGAATAAAT	2400
	TAGTCAAATC ATCCGTTGCT ACATCTATGG CATTATTATT ACTTTCTGGT ACTGCTAATG	2460
50	CTGAAGGTAA AATAACACCA GTCAGCGTAA AAAAAGTCGA TGACAAAGTT ACTTTATACA	2520
	AAACAACAGC CACAGCAGAT TCTGATAAAT TTAAAATTTT ACAGATTTTA ACATTTAATT	2580

55

ACTCAGGCTT TGTGnAACCT AATCCTAATG ACTATGACTT TTCAAAATTA TATTGGGGAG 2700  
 CTAAATACAA TGTATCTATA AGCTCACAAT CTAATGATTC AGTAAACGTC GTTGATTATG 2760  
 5 CACCAAAAAA TCAAAATGAA GAGTTTCAAG TTCAAAATAC TTTAGGCTAT ACATTGCGTG 2820  
 GTGACATTAG TATCTCTAAT GGTTTATCTG GTGGACTTAA TGGAAATACA GCTTTTTCTG 2880  
 AAACAATTAA TTATAACAA GAAAGTTACA GAACAACATT AAGTCGCAAC ACAAATTATA 2940  
 10 AAAATGTTGG CTGGGGAGTT GAAGCACATA AAATTATGAA TAATGGTTGG GGACCTTATG 3000  
 GAAGAGATAG CTTCCACCCA ACATATGGTA ATGAACTCTT CTTAGCTGGC AGACAAAGCA 3060  
 15 GTGCATACGC TGGCCAAAAC TTCATAGCGC AACACCAAAT GCCATTATTA TCTAGAAGTA 3120  
 ACTTCAATCC AGAATTTTAA AGCGTACTAT CACACAGAC. 3159

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 304:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3821 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 304:

GCAAAAACCTT TTCTCCAACCT ATGTCAGACT ATAATGGCAT GAACAAAATT GATATGATGA 60  
 30 ATCAAATTAA AGTTGATACG ATGTTGCATG GTTATCACGC TGGATTTTAA TTTGCATTAT 120  
 TGATTACAGT TGTTAGTTTC TTTTGTTTCAT TTATGTTACA AGGTAAGAAA AAAGAAGTTG 180  
 35 ATTCTCGTCA ATAAATATAA GTTGCTAGCT ATATAAAGCT TTTTAGCAAA AGTTCAACAT 240  
 ATTGACTTAT CCGGCATTTC AGATTAAAAT ATTTTATTC CGATTAGAAT AATAAGAATA 300  
 AGGAGATATA TTCTATGAAA AGACTTTTAT TTGTGATGAT AGCTTTCGTT TTCATATTGG 360  
 40 CTGCATGCGG AAACAATTCG TCGAAAGACA AGGAAGCTAG TAAAGATAGC AAGACAATTA 420  
 ATGTTGGGAC TGAGGGGACT TATGCACCAT TTAGTTTCCA CGATAAAGAT GGTAATTAA 480  
 CTGGTTACGA TATTGATGTT ATTAAAGCAG TGGCTAAAGA AGAAGGTTTA AAACCTAAAT 540  
 45 TTAATGAAAC TTCTTGGGAT TCTATGTTTG CAGGTTTGA CGCAGGGCGT TTTGATGTAA 600  
 TCGCGAACCA AGTAGGTATT AATCCTGATA GAGAAAAGAA ATATAAATTT TCTAAGCCTT 660  
 50 ACACATTCTC AAGTGCTGTT TTAGTTATTC GTGAAAATGA AAAAGATATT AAAGATTTTG 720  
 ATGATGTTAA AGGTAAGAAG TTAGCACAAA CATTACATC TAATTATGGT AAATTAGCTA 780  
 AGGATAAAGG TGCTGATATT ACAAAGTTG ATGGCTTTAA CCAATCAATG GATTATTAT 840

	AAAAACCTAA TGcTAAGATC AAAGCAATCA AAGGTAATGC TGAACAAAGT AGATCTGCAT	960
	TTGCATTTTC TAAAAAAGCA GATGATGAAA CAGTTCAAAA ATTCAATGAT GGCTTGAAAA	1020
5	AAATCGAGGA AAACGGTGAA TTAGCTAAAA TAGGTAAGAA ATGGTTTGGT CAAGATGTTT	1080
	CTAAATCTAA ATAGCGAACA ACAACATGCG CTAGATGCTG CAAAACAAGC TTTCGGACCT	1140
	ATGCTAGAAG GTTTGGTCAA ATATTCAATT CCTATTACAT TAGTTACATT TGTTTTAGGA	1200
10	TTGATTATTG CATTATTTAC AGCATTAAATG CGAATTTCAA CGAGTAAAAT TTTAAGAAGT	1260
	ATTTACAGTG TCTATGTATC TATTATTCGA GGAACACCAA TGATAGTACA ACTATTTATC	1320
	ATATTTTATG GTATTCCAGA ATTAGGTAGA TTATTAACAA ATGACGCTGA CAACCAATGG	1380
15	ACATTGGCAC CTGTAGTGGC TGCTATTATT GGTTTATCAT TAAATGTAGG TGCGTATGCT	1440
	TCGGAAATTA TTCGTGGCGG TATTATTTCT ATACCGAAAG GACAAACAGA AGCTGCaTAT	1500
20	TcCaTCGGTA TGACGTATGG TCAAACGATA CAACGTATCA TTTTACCGCA GGCAATTCGA	1560
	GTGTCGATTC CTGCACTAGG TAATACATTT TTAAGTTTAA TCAAAGATAC ATCATTATTA	1620
	GGATTTATTT TAGTGGCTGA AATGTTTAGA AAAGCTCAAG AAGTTGCGTC TACAACATAT	1680
25	GAATATTTAA CAATTTATGT GTTAGTTGCG CTAATGTACT GGGTGGTATG CTTTATTATT	1740
	TCAATTATCC AAGGTATCTA TGAATCTTAT ATTGAAAGAG GGTATCGCTC ATGATTCAAT	1800
	TGAACAATAT CCATAAATCA TTTAATGATG TTGAAGTCAT CAAAGGTATT GATTTATCTG	1860
30	TTGAACAAGG TGAGGTTGTA ACCTTAATCG GTCGATCTGG TTCAGGTAAA ACAACATTGT	1920
	TACGTATGAT TAATGCATTA GAAATTCCAA CTGAAGGTAC AGTTTATGTT AACGGCAAAA	1980
35	CATATACATC TAAAGATAAA AAATCACAAA TAGAAGTTCG TAAACAGTCT GGTATGGTAT	2040
	TTCAAAGTTA TAACCTTTTT CCGCATAAGA CGGCATTAGA AAATGTAATG GAAGGTCTTA	2100
	TCAcAGTTAA AAAGTTGAAA AAGGATGAGG CACGTGGGAA ATCACTTGAG TTACTIONGAGA	2160
40	AAGTTGGTTT AACACATGTC AAAGATCAAC GTCCACATGC ATTATCAGGT GGTCAACAAC	2220
	AACGTGTTGC TATTGTCAAG AGCACTAGCA ATGAACCCTA AAGTGATGTT GTTTGATGAA	2280
	CCAACATCTG CACTTGATCC TGAACCTGTG AATGATGTTT TAAAGGTTAT TAAAGATTTG	2340
45	GCTAATGAAG GCATGACAAT GGTCATTGTG ACACATGAAA TGCGTTTTGC TAAAGAAGTA	2400
	TCTAATAACA TTGTATTTAT TCmTGAAGGC ATGATCGGAG AACAAAGGGC TCCAGAAGAG	2460
50	ATGTTCAATC GTCCGAAAAC AGAAGAATTA AGACGTTTCT TAAATGTTAT AAATGAAGAA	2520
	TAATCAAATA GAACCACGTA TCATGTTTTA GTATGGCGAT GAAGCCATAT ACATGATGCG	2580
	TGGTTCTTTG TTATGTTGTC ATAATCTTGG AGCGATATTT TAACGACGTT TATGATTTAA	2640

55

TTCTACATGT GCGTTAAAAC CTTTTTTGAA TTGTTGGACG CCATAGTCTT CTGATGACTC 2760  
 TGAAAAGTCA CCGGTAATAC CATAAAAATT ATAGCGATCA ATATGATGCG CTTTAGCAAA 2820  
 5 CTTAATCATT TCCCactGCA AATGGTAGGC ACCCATATAA GCATTATATT TAGGGTTTGA 2880  
 ACCACTAGAT AAGTAATAAA CTTCATGCTC ATTGTAGATA AATAAAGCAG AAGCTAAGTT 2940  
 TAAGACTGCA CCATCTTGTT CAATTTGTTT TATTGTATTG TCGATTTTAC GCTTATTGCT 3000  
 10 ATTTAGCTGT TGTTC TAGCT GTGTGCGTTT CGTTTTATTT TTCTTTGAAT TAGGACTTTC 3060  
 TTCCAATGCT TCTTCAACAC CTGAGAGTTC AGCTGTTAAT TGTTGTTGCT TTAATTGTAA 3120  
 CGTTTTTAAA TACTCGTTTA AATCAATATA CGCCAACTTT AACATGGCGT GGTCATCGTA 3180  
 15 TAACTTTTGC ATTTCTTCAA AGTATGGTAA CTCACGGAAT TTGAAACCGT GCTTTTCCTC 3240  
 AGCCATATGG AATAAGTCGA AAAAAGTTTG CGTTTCATCA ATCGTTAAcG TTTTaGTTTT 3300  
 20 GACACCAaCa TCaTATGTtT tTtTAATATT ACGTCTCGtT TGATAATCCA TTTCTTTTAA 3360  
 AAGTTGGTCT TCAGTCTTAT CTTTTAAATC TAACACTGAC AGCCAACGGA TTGGGCTCAT 3420  
 TGAATCATAA CCTACAGGGA AACCTTGGTG TTTATAACCT AATTTATCCA TTGTTCTaAC 3480  
 25 AAATGCTCGG TTATCATAAG ATTTAACAAT TTCACCGTCT GCATTGCGTA AATTTTCAAT 3540  
 TAAATATGGA TCTACAAGGA CATATAAACA ATTGTGTTTC TTTAAATATG ACGTTAATGC 3600  
 TTTAAAGAAA AATGCTACTA ATGATTGATT TGTATAATCC ATCACTGGCC CGCGATGTGT 3660  
 30 ATAAAAATAT TTGAAAATT TAAGTGTGCG TGCTTCTGTC AATAAGCATC CTGCAATCAC 3720  
 TTGACCATTG TCATCTTTAA CCCCTACrAG ATGCACATCG CCTTTTAAAT CAACTCTATG 3780  
 35 ATTGTAATGA ATAGCTGATT GTGTGTAATG TGAAAATGC T 3821

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 305:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1422 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 305:

GCGACACCAT TGTTTGCAGC AACTGTTAAT TTACCAGTTG ATGGTTTCGA CGGTGTTGTT 60  
 50 GGTTTTGATG GTGTAGTAGG GGTAGTTGTA GATTGCGTAC CCCATGGCGC CACTTTACCC 120  
 ATTTTATTATA AATATTTTTC ATTAATTAAG TCATATAATT GATCATAACT ATAATTATGA 180  
 CTTCTTAAAT ATCCATGTGG ATcGGCATGG TCAGTACCAC CTAAATATTT ACTTACAGCG 240



TATTGTAATT GTGTAGCTGC ATAGTCAGCA TAGTTATTCA TTGAACGTGC AAATGAAGCA 360  
 TAGTCGTGTG TGTGTACGAT TTCAACATTG ATGAATCTAG GGTACCGAC TGCACCGACA 420  
 5 CCCCAGATA AGTAATCCGT TGGTGCTGTT TCGATTATAC GATCCCCATC AACAAATGCA 480  
 TGTACGAATG CGTTTTGATA GTTATTTTTT ATATAACTAA TTTCACCATT TATCGTCGAA 540  
 CGATCATTAG CTGTATCATG AACTACGATA CCTTCAGGAC GACCTACGCC GTTACGGTAT 600  
 10 GCGTATTTAG GGAAGTAAGA TGTATAATCT TCTTCAATTT TAGGTGCTTT TAAGTTATTT 660  
 TTACAAATGT AATCGTTAAT TGAAGAGTTT ACTTGTGGTT TATATTTTGG CAAACTCGTT 720  
 TTTGGTGTG CAGCAACTGA TCTTGGTTGT GCTGAAGCGC TAAAAGTAGT TACTTTAGGT 780  
 15 GTCGCTTCAG TTTTAGCTTT AGGTGCTGAT GTAGTTGCAG CTTTAGGTGC TGCGGTTTTA 840  
 TATTGCGTyT CAAGAGCTGC AGGTTTAGCA GCTGATTAA TTAATTCTGG ATTAATTGA 900  
 TTTTCTGAAT TATCATCTTC ATCATCAACT AAATAATAAC CAGCATTGT AACATTAGTG 960  
 TTAGTTTTAG GTGCTGTAGT GCTTGTGAC TTTGCAACAG GCTGCGTATT ATTTGTAGTC 1020  
 GCTGATTGAT TAGCAGGAGT GTCACCATT ACTTGTGCAG TATCAACTTT TTGACTTACT 1080  
 25 TGAGCATTGC CTGTTTTGTT ATTTGCTGTT TTTGGTTGGA CAATAGCAGG GTCTTGATAT 1140  
 ACTTGAGTGC CAGAAATGTT TTGCGTTGGA TTTTTTACCT CAGCTTTTGC TTGTTCACTA 1200  
 GTTGCTTTAA CTTTATTACT ATCTAAAACG TTTTTATTAG TAGTTTGATC TTGTGTCGTC 1260  
 30 TCAGCTGCTT GAACTTGATG TGCAGTGA CTGGAACCTA CAAGCGTTAA TGCAACCATT 1320  
 GAGGTAGTTT GTAATTGAAT TTTTCGCCA TTCTATTTAT TACTCCyAAC ATTTATTAAT 1380  
 TATTACTAAC ATTATAGTAC CTGTnTTATA TACCTGTGCG TA 1422  
 35

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 306:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 6076 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 306:

ACGCGTTGGT TATTTCAATC ATAATATTAC TCTGCAAATA CACAGCCCTG TAACCGAGTA 60  
 AATGGATAGA GATTTGAACA AATGAAAACA ATCAACTAAT GGAAAGGATA AAATATTATG 120  
 50 CACAACAATA ATGAATTCAA CAAAAACTG AAAGATTTTA TAGGTAGCGA TAAACGGATG 180  
 GCTTTAGTAA AGGGTTATGT TAACGAGTAT AAATTAACAA CTGTTTTAAG AGCTTTAAAT 240  
 55

	GTAGATAATC GAATTATTCC TAAAAATATA ACTCAAAACA CAATCTTCAA ATTGAGTAAT	360
	TTAACCTTAG AGGTTAACCT CTATGAAAGA AACACAATTT ATCACGGAGA CTTTGCTATT	420
5	TACTATCCTG TAGAATCTGC TCTAATAATA GAAACAGATA CTCCTAGGCT AATTAATCAT	480
	ATAAATAACA ACCCAGTCCA AAAAATATTT ATAATAACAA CAAATGACTG GAGCTTTAAT	540
10	ACACTTGaAT TAGAAAAAAT AGTAGACGAA ACTATAATTT ATGATTTAAA ACAAGAAGAT	600
	CCTAAACAAT ATGAAATTTT ATATAAAAAT AAACACGGAA AATTGCCTTA TTGATGAATT	660
	AAAACGCAAA CTTAGAACAC CTTACCCCTT TTCCGTCCTT ATTGTAATTT TCCAACACT	720
15	CAAATTAAAA ACCACCCGTG CAAACAGGTG GTTTTATTAT ATATAATTAT TCCCACTCAA	780
	TTGTGCTTGG TGGTTTTGAT GTAATGTCAT AGACTACGCG GTTGACGTGA TCTACTTCGT	840
	TTACGATACG ACTAGAAATC TTTTGTAAGA CTTCCCAATC GATGCGTGCG AAGTCACTTG	900
20	TCATACCGTC GATAGATGTT ACTGCACGAA TACCTACTGT GTGATCATACT GTACGGTAGT	960
	CTCCCATAAC ACCTACTGAT TGAATGTTTG GTAACACTGT GAAGTATTGC CAAATTTCTC	1020
	TTTCAAGACC TTCTTCTCTA ATCACTTGGC GTAAAATCGC GTCTGATTCT CTAACGATTT	1080
25	CTAGTTTATC TTCAGTAATT TCTCCAAGTA CACGAATACC AAGACCAGGT CCTGGGAATG	1140
	GTTGTCTCCA TACTAAATGT TCTGGAATAC CTAACCTCAAT ACCTAATTTA CGTACTTCAT	1200
30	CTTTAAACAA TGTATTGATT GGTTCGATTA ATTCGAATTC CATGTCTTCT GGTAATCCAC	1260
	CAACATTGTG GTGTGATTTG ATTGTTTGTG CTGTTTTAGT ACCTGATTCTG ATGACGTCTG	1320
	TATATAGTGT TCCTTGCGCA AGGAAGTCTA CACCTTTCAG TTTTGATGCT TCATCATCAA	1380
35	ATACGTATAC AAATTCATTA CCAATGATTT TACGTTTTTG TTCAGGATCT GAAACACCTT	1440
	TTAATTTATT CATAAAGCGA TCTTTCGCAT TAACACGAAT AATATTCATG TTGAAACCTT	1500
	CACGAATTG CTCCATAACC ATGTCGCCTT CACCTTTACG AAGTAAGCCA TGGTCTACAA	1560
40	AGATACATGT TAGTTGATCA CCTATTGCTT TATGCAATAG TACAGCTACA ACAGATGAAT	1620
	CTACGCCGCC ACTCATCGCA CATAATACAC GACGGTCTCC TACGCGTTGA CGAATCTTTT	1680
	CAATTTGAT TTCGATAAAG TTTTCCATTG TCCATTGACC TCTACAATCA CAAACACGAC	1740
45	GGACAAAATT ATTTAATAAA TCATTACCAT ATTCTGTATG ACGTACTTCT GGATGGAATT	1800
	GAACACCATA AATGCGACGT TTCTTATCTT CGATTGCTGC ATAGTCTGTG CTTGGGCTAT	1860
50	CAGCGATAAC TTCAAAGCCT TCTGGAATTT CAATAACTTT ATCAGAATGA CTCATCCAAA	1920
	CAGTTTGTTT TGCTGGTAAG CCAGCGAATA ACTCATCTGA CTTGCGATTA ATGATTGCTT	1980
55	TACCGTATTC ACGTTCATTG GCACGTTCAA CTTTACCACC TAATAATTTA GTAGTTAATT	2040

	TAAATGAACC TTCTTCATAA ACTGAATTTG GACCACCTGA TAAGATAATA CCTTTTGGAT	2160
	TCATTTTCTT AATTTCTTCA ATTGAAATTT CATGATCGTG TAATTCACCTA TAAACGCCCA	2220
5	TTTCACGAAT TCGGCGTGTA ATTAATTGGT TGTATTGGCT ACCAAAGTCT AAGACAAGGA	2280
	TTAACTCTTG TTCTTTTGCC ATTTCCATAT TTGTCGTTCT CCTTTATCTT AATTAGAATG	2340
	AGTAGTTCGG TGATTCTTTC GTAATTTGAA TATTATGTGG ATGGCTTTCT GCTAAACCAG	2400
10	CAGGACCCAT ACGTGTAAT TGTGCTTCTT CGCGTAATTC TCTTAAATCG TGTGAACCAG	2460
	TATAACCCAT ACCAGCACGC ACACCGCCCA TTAATTGGTA AATTGTATCT TGTAACGCAC	2520
15	CTTTATAAGC CGTACGTCCT TCGATACCTT CAGGAACAAA TTTCTTAGGC GCTTTGTCCT	2580
	CTTGGAAGTA ACGGTCGTTT GAACCTTTTT CCATCGCACC TAAAGAGCCC ATACCACGGT	2640
	ATACTTTATA TTGTCTACCT TGGAAAATTT CTGTTGCGCC TGGGCTTTCT TCAGTACCTG	2700
20	CTAATAAGCT ACCTAACATA ACCGCATGTC CACCAGCAGC TAATGCTTTA ATGATATCTC	2760
	CTGAGAATTT AATACCACCA TCAGCAATGA TAGCTTTACC ATGTTTGCGT GCTTCAGTtG	2820
	CACAATCATA AATTGCTGTA ATTTGTGGTA CACCAACACC TGCTACAACA CGCGTCGTAC	2880
25	AAATTGAACC TGGGCCAATA CCAACTTTAA CAATATCTGC ACCCGCTTCA AATAAATCTT	2940
	TTGTTGCTTC TGCAGTTGCT ACGTTACCTG CTACTAATGT GATTTCTGGG TAAGTCTTCT	3000
	TAATATGTTT CACTTGATCG ATAACACCTT TAGAGTGACC ATGTGCTGTA TCGATAACTA	3060
30	AGACATCCAC ACCTGCTTCG ACTAATTTTT GAGCACGAAT ATCAGTATCT TTTGAAATAC	3120
	CAATTGCTGC GGCTACAAGT AGACGACCAT GTTCATCTTT TGCTGCATTA GGAATTCTGA	3180
35	TAACTTTTTC AATATCTTTA ATAGTAATAA GACCTTCTAG ACGTCCGTCT TTAACCTAATG	3240
	GTAACTTTTC AATCTTATGT TTTTGGAGAA TTTTCTGCTG TTTCTCAAGT GTTGTATTCA	3300
	CTGGAGCTGT AATTAAATte TCTTGCGTCA TTACATCTAC AATTTTAATC GAGAAGTCTT	3360
40	CAATAAAACG TAAGTCACGG TTTGTTAAAA TACCTACTAA GTTGCGATCT TCTTTATTAT	3420
	CAACAATTGG TACACCTGAA ATACGGTATT TACCCATTAA TGCTTCTGCT TCATAAACGC	3480
	TTTCTTCTGG CGTTAAGAAA AATGGGTTTG AAATGACACC ATTTTCTGAG CGTTTTACTT	3540
45	TTTGAACCTC GTCCGCTTGT TCTTCAACGC CCATATTTTT ATGAATAACA CCTAAACCAC	3600
	CTTGACGAGC CATAGCAATC GCCATTTTAG ATTCAGTTAC AGTATCCATA CCAGCAGAAA	3660
	TAACCTGGAAT ATTTAATTTA ACTTTGTCTG ATAATTGTAC GCTTAAATCA ACGTCTTTCG	3720
50	GTAAAATATC AGATTGTGCT GGAATTAATA ACACATCATC AAACGTTAAT GATTCTTTTG	3780
	CAAATTTACT TTCCACATT AAAAACAGCC TCCATTTTTT AAATTAATTA GTTATATTAT	3840

55

	GCAGAGATTG CGCCTAAAAC AATTCGGTTT TGAGTCAACC ATGCAAATTG TTCACCTAAA	3960
	CCTTTAAATG CTTGTGGTAC AGCGCTTATA CCAGTACCTA AtCCTACTGA TACAGCGATA	4020
5	ATTAATAAAT TGTTTTGATT TTTAAAATCG ATATGTCCTA ATATACTAAC ACCATATGCC	4080
	ATTACCATGC CAAACATAGC TATCATCGCA CCGCCTAACA CAGGTAGCGG TATGATATTT	4140
10	GCTAATGCGC CAAGCTTAGG TATACAACCA CATATAAGTA ATAACACGAC CATGCCGTAT	4200
	ATAACATTGT TTTTCTTAGC GCCGGATAAA GAAACAAGTC CTACATTTTG CGAATAGGCT	4260
	GTATACGGAA ATGAATTGAA TATAGAACCT AACACTATCG CTAGACCTTC CGCAGTATAA	4320
15	CCTTTACGAA AATCTTTTCT TTCTAACTTC TTACCGGTAA TTCACTTAA CGCATGATAG	4380
	ACACCTGTCG ACTCAATTAA ACTAACGATA GCTACAATAA AGAACACTAA CGTCGATGTC	4440
	ACATCAAAGC TAAATCCAGA GAATCTAAAC GGCCTGGGA TGCCTAACCA ACCGGCATGA	4500
20	TTGACTTGAT TAATATCGAC CATCCCAAGT AAGCCAGCAC CTATCGTTCC TAAAACGAGT	4560
	CCAATTAATA TGGCAATACT CTTAATAAAT CCAGTTGTGA ATCTTTGTAA AAGAAGAATA	4620
	ATGATTAATG TCATTAAACC TAACAAAATG TTCTTAACAT CTCCATAGTC CTTTGCACCT	4680
25	TGACCTCCAG CTAAGTAATT CATTGCTACT GGCATTAAAT TGATACCAAT GATAGTAACA	4740
	ACACTACCCG TTACTACTGG TGGGAAGAAT TTTACAAGAT GTGAAAAGAA AGGCGCGATG	4800
	ATAATAACTA ATATCCCTGA TAAAAATAGC GAACCATAAA GTACATCTAT TCCTTTCGTT	4860
30	TGACCAATTA AAATCATGGG CGCAACAGCC GTGAATGTAC ATCCAAGAAC GATTGGTAAT	4920
	CCTGTTCCCTG TTACTTTATT GGCTTGTAAG AATGTGGCAA CCCCACACAT AAATATATCT	4980
35	ACTGTAACTA AGTAAGCGAT TTGTTTCAGT GTAAACTTCA AACTTGTACC AACAATGATT	5040
	GGAAC TAAGA TAGCACCTGC GTACATAGCT AAAAGATGTT GAACACTTAG GATTAAATTT	5100
	TTCAATTATC TTCTCCACCC AATGTCACCT TGTTTCCTTC TAGTGAAGCA ACCTTGCAGA	5160
40	GAGAAGAAAC TGTTAAACCT GCTTCTTCTA AACGTTGATG CCCATTTTGG AAACCTTTTT	5220
	CAACAACAAT ACCAATACCA GCTGTCTTAG CATTCGCTTG CTGTGCGATA TCGTATAATC	5280
	CTAATGAAGC ATCACCATTT GCTAAAAAGT CATCGATGAT AAGTACAGTA TCTTCTTCTG	5340
45	ATAAAAACTC TTTTGAAACA ATGACCGTAC TTGTTTTATT TTTAGTAAAT GAATGAATAG	5400
	ATGTTTCATA ATAACCATCC GTCAAAGTGC TAGGTTTTGC TTTTTTCGCA AATAAACATG	5460
	GCACATCAAA ATGCAGTGCA GCCATGATTG CAGGTGCGAT ACCGGAAGCT TCAATGGTTA	5520
50	AGATTTTAGT AATCCCTTTA TCTTTAAATT GCTCGTAAAA AGTGCGACCA ACTTCATTCA	5580
	TTAACTTTGC ATCAATTGTA TGATTTAAAA ATCCATCGAC TTTTAAAATC TTCTCATCAA	5640

55

ATTTGTGTGA AACATTTTGC TCTTAAATTG GTGCTAGATA CAAAAAATC CCCAACTAA 5760  
 ATAATAGTTT CAGGGTTTAT GAGTGAACGa ACATGCATAA CGAATTTGTC ATGCAATCAA 5820  
 5 TGTAAGAGAA GTTTCATCAA ATAACTGTG ACCATCATAT AAAATGATAT AAATCACCCA 5880  
 CCATGGTTAC AATTTAATGG CTGAAGCTAC TCCTAGTATT GTGTGTGTTAC TCATAGTCAT 5940  
 GTCGTTCAAG GCAACATGGT AGAACTTCT AAAGCCATAT TCTTTAGATT ATATGAGTTT 6000  
 10 ATGTAAATTA TTTAACGATA ATAGCAAATT TTCGGCATT TTTCAATAAC TGCTTAGGTA 6060  
 ATCTTTTAAT AGTTTT 6076

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 307:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 6136 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 307:

25 ACCGCCGATT GATAGCTTTA CTGCTGCGAT AAAACTGCCT TCAACAATTG GTGCATCAAC 60  
 TTTTAACACA CGATGATTAC CATCATACAT TTCAATTGCC ATATCTACAT TCATTTCTGA 120  
 AGATCCAATA TCGTAAAAAC ACAATGCATC ATCCTCTAAT TTAGTCAAAA CTTCTTGGAT 180  
 30 GATATCAAAT GAAGTTCCAA TTGAACCATC TGGTAATCCC CCGATTGGTA TAATATCAAC 240  
 GTCACCTGCC ATTTGCTTTA ACAAAGATTT TGTACCACTT GCAATTTCTT TACTGTGGCT 300  
 AACAAGTATA ATTTTAGGCA TTATCTTCAT CTCCAATCAA AGCGTTTAAA ATATAAACCA 360  
 35 TACTTTGAGC ACCTGGATCA ATATAACCTT TTGATTCTTC TCCAAAATAT GCAGCTCTAC 420  
 CTTTCGTTGC TACCATATCT TTTGTATTAT CTGCTAATTG CTGTAAATCA TTGAATGTTA 480  
 40 AAGTTTCACC ATTTTAAAGC TTCTCTGCTG CTCGCGCTAC TACATCATAC ATTGTCTTTT 540  
 CATTTAAAGT AACTTTACCA CGTGATTCAA CCGCTTCGGC AAATGCCTGA ATTAGTGTA 600  
 TGAAATCTTG ATTATCCATA TCATCTTTGG TGAATGCAGA CATTTTAACA AAGCTAAAGC 660  
 45 CATACAGTGG TCCTGATGCA CCCCCAACAT TTGACATCAA TGCCATACCA GTTGATTGTA 720  
 ACAATGATTG CATTGAGCTA TCATCAAGTT TGTCTTTAAG ACTACTAAAC CCACGAACCA 780  
 TGTTAACCCC GTGGTCACCA TCACCAATTG CTCGATCTAA TTCAGTTAAT TCAGATTCAT 840  
 50 GTTTTTTAAA CGTTTCTTCT AAATTTAATA AACGTGCTTT CATATCATTC ACTTTCATT 900  
 GTGCCACCTC ATAAATGTAT ATTTATTCAT ATTCACTTCT TATTTAAAGT ATTGACTTGT 960



	ACCTTGCA TG TCTAAAGATG TCATATAATC ACCAACAAAC CATTTAGCAA CATTAAACCGT	1080
	TCTTGCA GCT AAATTTTGTT GAATATATTT AGTTACGATA TTTAATTCAG ATAACGGCGT	1140
5	ACCACCCATA CCATTTACCA TTAATATGAC ATCATTGGCA GTAACCTTCTT TATACAATTC	1200
	GTCTAACAAT GTTCCAACAA TATGATCAAT ATCCTTTACT TCTTCCCTAT GAATACCTTT	1260
10	TTCAACCATGT ATACCAATAC CGATTTCCAT TTTGTCGTCT TCAATATCAA AGCCATATTT	1320
	TCCAGTAGTT GGAACAAGCG GTGGCTCAAT TGCCATACCA ATACTTTTAA TTTCAGGTAA	1380
	CAACGCTTCT ACACGCGATT TTATCTCTGT TAATGAATAA CCTTTTTCAG CAAGATAACC	1440
15	GGCAAGCTTA TGAACAAACA CTGTTCTGCA AACACCACGA CGTTGTACTT CGTTTGTGAC	1500
	AGCAATGTCG TCACGAACAA TAACAGTTTG AACATTTATA CCTTCCATTT CTGCAAGCTC	1560
	TTGTGCCATT TCGAAATTCA TCACGTCACC TGCATAGTTT TTTACAAC TA GTAATACACC	1620
20	ATCACCAGTA TCTACTGCTT TAATAGCTTC TAATATTTTA TCAGGTGTAG GTGATGTAAA	1680
	TACTTCGCCA CAAACCGCTG CATCTAGCAT ACCTTCTGCA ACAAACCGG CATGCGCAGG	1740
	TTCAATGTCG CTTCCACCTC CAGAGACTAT TGCTACACCA TGTTCTTTCT TAGCTTTTTT	1800
25	TACAATAACT GTATTAGCAA TCAGATCTAA CTCTGGGTGC GCAATTAACA ATCCTTCAAG	1860
	CATATCAGTT AAAAATGTTT CTTTTTTATT GATTAACTTT TTCATCATGT TGTACCTCCT	1920
	TGGTATTATC AGTCATAGTA TAAACAGAA TAAATGAATG CGCTATCATA AAGAATTAAC	1980
30	CTGATACCGT TATCAAATAT ATTTTGTGATA AGATCCTCTT GATAACTTAA TGGTTCATTA	2040
	TTGAAAAAAT AAATAGTCTT GAGTGGCTCA TTAAATAAAA AATGCTATGA AAAGCCTTAT	2100
35	AATAAAGTGC CTTTCATAGC aATAAGTTGT GTCCATTGAC ACTATACATT TTTCGTTTTG	2160
	TACATTAAAT ATAAGAAATA CGGTGCACCA ATAATTGCTA CGACAATACC TGCTGGAACC	2220
	CCACCTGGTT GTAATACAAT TTTGCCAATT GTATCAGCTA TAACAAGTAA ACATGCCCCCT	2280
40	ACTAAATGG CAATTGGTAA AAACAACCTGG TGACGTGGTC CAACGATACG TTTGGCAATA	2340
	TGCGGACCCA TTAATCCGAT AAACGAAATT GAACCTGCTA cTGCTACAGC AGCAGATGAT	2400
	AACATCACTG CGATAAAGAA TAATATTAAA CGTTCTCTGC TTAACCTTAC ACCTAGACCT	2460
45	CGTGCAATAT TATCACCCGT ATGAATAATA TTTAGTGTAT TCGATTTAAA TAGTAAGTAA	2520
	GGAATAATAA TCAACACCCA CGGTAAAAAT GCAATGACAA ATGGCCATTC GTCACCCCAA	2580
50	ATATTACCTG CAAACCAAGC AGCGATGAAA TCAGATTGCT TATCATCAAA TTTTGACATA	2640
	ATTGTAATTG AGCCACCATA TAATGCTGTT TGTAACCTA CACCTATTAA TACCATACTC	2700
55	GCAGGTGTAA CACCTTCATT TTTATTAAAA CTGaAAATAA AAATAATCaA TGCAGTGgTG	2760

	CCAATTGCAA TAAATAATGC GATTGCAAAT CCGCCACtGC GTTAATACCT AATATACCTG	2880
	GTTcAGCTAT TGGATTTTTT GTGACACTTT GCACTATTGC ACCACTAATA CTAAGcGCG	2940
5	CCAGCCAAAA TAGTAATCAT CATCCGAGGT AACCTGAAAT CTAATAAGAT TAACTCATCA	3000
	ATGGCATCAC CTTGTCCAAT TAAAGTTTTG AAAAATCTTT CAACAGGTAT GTTGTATTCA	3060
10	CCTGAGGTAA TACTCCAAGT ACAACCTAGA AATAGTAGAA TGCTAAAAAC AGCCAGTGCT	3120
	ATCAATTGTC TGCgTTTTATT ATTTGAACTA ATCATATTGA GCGTCCTCCT TTTTAACTA	3180
	AATATAAAAA GTAAGGAACA CCGATAAATG AAATGATTGC ACCAACAGGC GCTTCTCCTA	3240
15	AATATCGTGC TATCACATCG GCAACAAGCA CGAGTATCCC ACCTAACAAAG GCTGTTAATG	3300
	GTAGAATTTT AGCATAATCA GTTCCAATTA AAAATCTTGC TATATGAGGT ACCATCAAAC	3360
	CTACAAATGC AACTTGTCCA GCGATAGCAA CTGCAATACC TGCTAGAATC ATAGCAATAA	3420
20	TTAAACATAT GCCTCTGATC ATTGTTACAT TTTGACCTAA ACCTTTAGCT AATGATTCAC	3480
	CAAGATTTAA AATGGTAAGT TGTTTACTAA TTGTTAATAT AATGAATAAC GCAATACCAA	3540
	TTAATGGAAT TGCCCACTTA AGGTGTGACC ATGTTGTGCC TGAAACGCCT CCAGCAGTCC	3600
25	AAAATGTTAC TGTTTGATT AGTCTAAAAG CTAATGCAAT ACCTTGACTT AGCGCTGTTA	3660
	ACATAGCACT TACTGCTGCA CCCGCTAAAA TAATACGCAT CGGATTAAAT CCATCACGTC	3720
	TAGATCGGCC TATCATTAAAT ACAATAGCAC CTCCTAGAAT AGCACCTAAA AATCCAGCAA	3780
30	ACATCAATAT TAAAAATGAA GTGTTTGGTA AACTGCATA TGTTAATGCT AAAGCAAATG	3840
	AAGCACCTGA ATTTAAACCT ATGAGCGCCG GATCAGCAAG ACCATTACGA GTAACACCTT	3900
35	GTATAATCGC ACCAGAAACT GCAAGCGCCA TACCTACAAT TACTGCTGCT ATATTTCTGG	3960
	GAATCCTAAT CTCATTGATG ATGTTTTGCT GTTGATTGCT AGGATTATAA TTAAAAATAG	4020
	CCTCTATAAT TGTAAGGCT TGAATTTTGG CGTCACCTAT TAATGTAGAA ATAAATAGTG	4080
40	TGATTAGTAG TATCATACTT AAACCTATAA TATAGGATAA AAACCTCAAT GCGGTTGGGT	4140
	TCTCTCTATT TGTCATGTTA ATTGTCCTTT TTATCATATT AACTTACTTA ATTAAGAATA	4200
	AGCTCTGCGA CATAAGTCAT AAGTTACCAG TAAAGGTTTT CCAGTTTTAG GATCTTTACT	4260
45	TAAACAACA TCAATATTAA AAACCTTTTC TAATATTTCC TGTGTTAATA CGTCTTCTGT	4320
	TGAACCTGTA GCGATGATAT CCCCTTCTTT CATCGCAATA AGATGATCTG AGAAACGAAT	4380
	CGCTTG GTTG ATATCATGAA GAACCATGAC AATTGTACAA CCTTGTTCCCT GATTTAGCTT	4440
50	CTGAACTAAT TCTAGTATTT CTAATTGATG ACAGATATCT AAATATGTTG TTGGTTCGTC	4500
	TAAAAAGATA ATATCAGTTC TTTGTGCTAA TGCCATTGCA ATCCAAACAC GTTGTCTTTG	4560

55

	TGCCCAATCA ATcTCTTTCT TAtCCTCAGC AgTTAATCTA CCAAATCCTT TTTGATGTGG	4680
	AAAACGACCA TATGAAACTA ATTCCCCAAC AGTTAAGCCA TCTGCTACTT CaGGTGaTTG	4740
5	aGGTAAaTG GcTATTTTTt TGcAATCyCy TTCGTAGATt GTGtATGAAT ATTTTCACcA	4800
	TCTAAAAATA CTTCGCCTTC TTAACTGCC AATAAACGTG ACAATGCCTT TAGCAAAGTA	4860
	GATTTCCCGC AGCCGTTAGG ACCAATGATT GACGTCACCTT TGCCATCTGG TATTTCAACA	4920
10	TCTAATTTAT TTATAATCGT GTTATCCCCG TAACCAATTT TAACTTGTTG TCCATGCAAA	4980
	CGATTCATAA TTTCCCTACT TTCAATAAAA TTCTTTCTGT TTATAAAAAA TAATTTCTAT	5040
15	TTTTAAATTA TCAATTTTCA AAGACATCCC AATTGATAAT GATTATCATG AACATCATTa	5100
	TAACATTTTT CAATCTTATT GACTAACATT ACTTTTTTAA TTGGATAGCT CGATTTGTCA	5160
	TGTCTTGAT ATTACTTTTA TAAATAAAA AACGCCACA GATAAGTCTT CATAGTTCAA	5220
20	AAACTTGTC GTGGACTTCT ATTTAAGTAT GTGTGCTCAT ACCATTTATT TATTCATCTG	5280
	CAAGAAAGCC ATTACCATAG ACATCTCTTA CATCATGAAT TACGAGGAAT GCATCTTTAT	5340
	CGATTTGTTT AATTAATCGC TTGCTTTTG AACTTGTTG TTTAGAAATA ACAACGTATA	5400
25	AGACATCTTT TTCTTCACGC GTATAATAGC CATGTCCGTT TAAATGGTT AAACCTCTTC	5460
	CAATTTGCTC GTCTATTGCT TTGGCAAGTT TGTCGGGATT AGTTGAAATA ATCGTCATAG	5520
	CTTTTTTAGT GTTTAAACCT TCTATGACAT ATTCCATCAC TTTTGTTTCT ATATAAAGTG	5580
30	ATATTACTGT TACTAATACT TTATCAAGTG GAATAACTGT AAGTGAAATT GCAACAACGA	5640
	TCATATCGAA GAAAAGCAAA GCATATGGCG TGCTTACATC GAGGTATTTT GTTGCAATTC	5700
35	TCGCCAAAAT TGTTGTACCT GCTGTTGTAC CGCCTGCAAG GATAATTACT CCGATTCCTA	5760
	GTCCAACGCT TACACCACCA AAAATGGCAT TCACAATGCT GTTTCCAGTT TCTACTTGCC	5820
	ATGATTCTGT TAAACTCAAA AATATTGAAA TAAGAATTGT TACAAGAATA GTTAAGTACA	5880
40	TACTTCTCTT ACTCAAAAAt TTATAAcCTA TGGCAATCAA TACTGCGTTG ACCAAGAAGT	5940
	TAGTGATGGC TGGTGAAATA TGAAACGCAT AATATAAAAT AATTGCTAAA CCTGTAACCC	6000
	CGCCTTCACC TAAGTTACCA GAAATAATAA ATGCATTTAC ACCTGCAGCA AAGATAAATG	6060
45	AACCTAAGAC AACTAGTATT AAATCTTTAA CCGTTTTATT CACGAAACCA TCCCCTTTAT	6120
	ATATTTATTA GACTAT	6136

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 308:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2576 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 308:

5	GATATCGTAs	CTACTGAAAA	GTCATCACCA	CCATGGAATG	ATTTCTTTAA	ACGTTTTAGC	60
	TTCTATGCAA	TTGCAATTCA	ATACTTTGTT	GTACAATTTA	TCATTACATT	ATTCTTAATT	120
	TGGTTACCGA	CGTATTTAAC	AGAAGTATTC	CACGTTAACT	TTAAAGAAAT	GAGCATTAGT	180
10	TCATTACCTT	GGTTATTAAT	GTTCTTCTTA	ATCTTATCAG	CAGGTGCAAT	TTCTGACCGT	240
	GTATTAGGAT	TAGGTCGTTC	AAAATTCGTA	GCTAGAGGTG	TAATTGCAAT	TGCAGGATTT	300
15	ATTGTGTTTG	CAGTTTCAAT	TATCTTTGCT	GTACGCACAG	GAAATTTATA	TGTAAGTATT	360
	TTCTGGTTAT	CACTAGGTCT	TGGTGGTATC	GGTATTTCAA	TGGGTATGAG	TTGGGCTGCA	420
	GCAACTGACT	TAGGACGTAA	CTTCTCTGGT	ACAGTATCAG	GGTGGATGAA	CTTATGGGGT	480
20	AATATAGGTG	CATTAATCAG	TCCGCTATTA	GCAGGTCTAT	TCGTAGAACA	TTTGGGTTGG	540
	ACAATGACAT	TCCAATTGTT	AATCGTTCCA	GCAGTAATCG	CTGTGATTAT	GTGGTTCTAT	600
	GTGAAACCAG	ATCAACCTTT	AATTGTTAGT	GATGATAAAG	CAATAGAAAA	ATAATTTAAA	660
25	CAAGCAGTAA	GCTTTCACAT	AGTTGGGGCT	TATTGCTTTT	TTTGC GTTGA	AATTGAAACT	720
	TTTTAAAACA	GATATGGTTT	AAGATGAAAA	TGAAGTTATT	GAAATGATAT	ATGTAAAGAA	780
	ATAAGGTTTT	AAAACATTAG	TCAGGTAACG	CTTGTA AAAAG	TACATATAAA	TTTTAACTAG	840
30	CGCAAAGGTG	GGCGACCAAA	GtTcaACGAT	GTTAAATAAC	aTTAGrAATT	AATTTTAATT	900
	GGACTTTAAA	AGTTTTTAAA	TTTAGATAAT	TGAGCATAAG	GTGTTATAAT	GACATATGTT	960
35	GCGTAATTAA	AATTTATAGC	AACAAATTCA	TTTTAACTAT	GCTAATAAAA	AGATTATGGA	1020
	AATATTTTGA	CAAGGAAAGG	AGAAGTCGAA	ATGACATCTT	TTTGACATCA	CTCATAAAAA	1080
	TCAAECGACT	TAACCTTAGAC	TTTTATAAAG	GTGTAAGACA	GGGACTGTTA	ATGATTATTC	1140
40	CTGCAATAAT	CGGTTACTTA	TGTGGTAATT	TCCAATTTGG	ATTATTAGTT	GCAACCGGAA	1200
	CACTAGCCCA	TATTTATGTT	TTTAAAGGTC	CGTCGCGATC	TAAGCTGCGA	ACTGTAATAA	1260
	TTTGTAATTT	AGCGTTTGCA	ATATGTATGA	TGCTTGGTAC	GCTAACAGCC	AAAACGCCAC	1320
45	TCGTTTTTGG	AATGACATTA	TTAATTGTTA	CGGTTATACC	ATTTTATATA	TTTACTGCCT	1380
	TAAAAATAGC	TGGACCGTCA	TCGACATTCT	TCATTGTGAC	ATTCAGTCTA	CCCATTAACT	1440
	TACCTATAGC	TCCCGAAGAA	GCATTATATA	GAGGCTTTGC	GATTTTAGTA	GGCGGTATAC	1500
50	TTGCCACTAT	GATGGTGTTA	ATCACGATCG	TATTTTCTAA	AAACAAAGCT	GAAGAACAAG	1560
	CAATTCAAAA	TGATTTTAAA	CTCATATCTA	AGTTGTTACA	CACTTATAAT	GATAAATCTG	1620

55

	TCACCTTCTAC TTCAAGTAAC GATAAATTAA GTAGACGTTT CCAAAAATTA TTATTATTAC	1740
	ACACATCTGC CCAAGGGATT TATTCTGAAC TGTTAGAGTT GAACGCTAAA CAAATTCGAC	1800
5	CATTGCCAGA TGAGTTAATT GAAATGATGG ATCATATCAT TGCACAAC TA GATAATAGTG	1860
	AGGAAAATGT AAGATATTGG CGAAAAGAAG TGACAGTAAC AGAGGAATTT CAAAATTTAT	1920
	TCAACCATAT ATTGAAAATT GATGAAATGG TGCATGCAAA TGAAGCGCGT ATTGCGTATG	1980
10	AAGCAGACAT GCGAAAACCT TTATATAGTA AACGCATTTA TCaAAATTTA ACaTTAGACT	2040
	CtATkGTTTT TAGAAATACA TTGAGATATA CAGCGATTAT GATGATAGCG ATATTTATTG	2100
	CGTTAATGTT TGATTTTGAA AAAGCATACT GGATACCGTT ATCTGCACAT ACAATATTAC	2160
15	TAGGAACATC AACTATACAT GCAATCGAGA GAGGTATGGC ACGAGGTTTA GGTACTATTT	2220
	TAGGTGTGTT AGTACTTTCA GTCATATTGT TGTTTTCAAT ACCAACACCT GTTGCAGTAA	2280
	TTTTAATGGG CATTGCAGCA TTGTTTACTG AAGCATTGGT GGGAGCAAAT TATGCGATTG	2340
20	CAGTAGTTTT TATTACAATA CAAGTTATTT TAATGAACGG ATTAGCATCA CAGAATTTAA	2400
	CAATTAACAT TCGGTTTCCA AGAGTTATTG ACGTTGCAAT GGGTATTGTG ATTGCAATCA	2460
25	TAGGTTTATT TGTCTTGGGA CAACGTACCG CATCCGCATT GCTTCCTAAT GTAATGGCTG	2520
	AAGTTGTTTCG TAAAGAAGCA ACGCTCTTTC ATTATTTATT TTCTGAAAAT CAATAT	2576

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 309:

30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 668 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- 35 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 309:

40	CAAGCACATT ACGATGGTCT AATACTTTGC TAATAATTTT TTCTTGTCCT GGTCGAAACG	60
	TTTCATACCC AAAGTAATGC GATAATGTTT GTTGCATCAT AAATTGACCC CTTATTGTTG	120
	TTCTTTAATT TCTTCTAACT CACTCCATCT TGTGATGTCT AAATCATATT GAATTTCAAG	180
45	TTGTTCTTTT TCTTCGTTTA ATTCTTTAAT TTTCCCATAA TCTGCACTTG CCTCAATCAT	240
	GAGCACATCA ATTTCTTCCA TTCTTACTTC CGCTTGTTCT ATGCGTTTCA TCAATTGTTT	300
	ATATTCTAAT TTTTCTTTAT ATGATAAACC ATTTTCTTTC CGTACAGTTG TAGAAGATTT	360
50	AGATTGTTGC TTCAATGTGG ATTTATTTTT ATCTAATGAT TTTTATAAC TTTCATAATC	420
	TTCAAAAGTT CCGATAATCT TTTCATCTG ACCATCATGA ATAAACCAAT ATGACTGTGC	480

55



AATATAATCT TCAAGTATTG TTAAAGTCTC AGTATCTAAA TCATTTGTCG GTTCATCTAA 600  
 CAACAGAACA TTTGGCTGGT GTACGAGTAG ACGTAATAAA TACAAACGCT TTTGCTCTCC 660  
 5 ACCAGATA 668

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 310:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 12173 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 310:

CATCAGTTTA TTTTGAAAGG CAATGCGATC ATTTTCATGTA TTTATGTTGT TTGAAACATC 60  
 20 GTTAGATAAC AATAGTGATA TTGCACATTT TAAGCTGAAG ATGGAAAAAT ATTCGATAAT 120  
 CAAATAAACA ATGAATTTTA GAAGGTACAA TGACGTTTAC TAATTTAAAT ATAGCTGAAT 180  
 GTGTTGGTGA GTGATGTTCA CTATAGATTT ATATTAATAT ACAAAGACAA AGGTTGTAA 240  
 25 TTTTATTAA GCGTTAGGTT GAATGTATGA GAATTTTAGA TTTATAATAG AAGATAGAAA 300  
 CGAAAATTTT TCTTAAAAGC AGTAATGTTG ACTCAAATA AGCTATAATA ATGACACTTA 360  
 TTTAATTGAT TAACATTTGC TAATAAATAT CAATATAGAA TATAACTTTC CAATAATGAC 420  
 30 TGAGAAAATC GAAATGTCAG TCTCGAATCA TATAATTAGA AAATTGATTA TTTTCTGTCA 480  
 ATTTAGGGTT GAACTATACA TATGATATTG TTAGAATATT TTTTAACATT ATATTTTATT 540  
 35 GCTTTAAAGT GGAATATACT TGAAATAATT AGTAGAGGTG AGTAAGGATG AGTAATAAAT 600  
 TAGAATCATA CAGAAGTGAG ATTGTATCAC TGAATCATCA AATTTTAGAC TTATTATCTA 660  
 AACGTGGTGA ACTAGCACAA AAAATTGGGG AAGAAAAATT AAAACAAGGT ACACGTATTT 720  
 40 ATGATCCACA ACGTGAAAAA GAAATGCTTA ACGACTTAAT CGATAGTAAC AAAGGACCAT 780  
 TCAACGATAA TACTATTAAG CAATTATTTA AAGAAATTTT CAAAGCCTCT ACAGATTTAC 840  
 AAAAATCTGA AAATGAAAAA CATTATATG TATCACGTAA GTTGAAACCT GAAGATACGA 900  
 45 TTGTAACATT TGATAATGGG GGCATTATAG GAGACGGCAA TAAATCATTT GTATTTGGGC 960  
 CATGTTCACT TGAATCATTT GAACAAGTTG AAGCTGTTGC TAAAACTTA CATGCTAAAG 1020  
 GTGAAAAATT TATTCGTGGC GGTGCATTTA AACCACGTAC ATCACCATAT GATTTCCAAG 1080  
 50 GCCTAGGTGT TGAAGGACTT AAAATACTTA AACAGATTAA AGATAAATAT GATTTAAATG 1140  
 TTGTCAGCGA AATCGTAAAT CCAAATGATT TTGAAGTGGC TGATGAGTAT TTAGACGTAT 1200

	AAAAGCCTAT TCTATTAAAA CGTGGTTTAT CTGCTACAAT CGAAGAGTTT GTTTATGCAG	1320
	CTGAATACAT TGCTTCACAA GGTAATCAAA ACATTATTTT ATGTGAACGT GGAATCCGAA	1380
5	CTTATGAAAA GCGGACACGT AACACTTTAG ATATTTTCAGC AGTACCAATT TTAAAACAAG	1440
	GTACACACTT ACCAGTCATG GTAGATGTTA CGCATAGTAC AGGTCGTAAA GATATCATGT	1500
	TACCAACTGC GAAsAgCAT TAGCAGTTGG TGCTGATGGA GTTATGGCTG AGGTGCATCC	1560
10	AGATCCATCT GTTGCACTTA GTGATGCGGG TCAACAAATG GATTTAGATG AATTCCAAGC	1620
	ATTTTATGAT GAATTAAAGC CTTTAGCTGA TTTATATAAC GCTAAAAAGT TAAAATAATA	1680
15	TTCCAAGGAA ACTATAGACT ACTTAACTAA TATGTCATGT TGAAGTAGAA TATTATCTTT	1740
	GAATCGACAA TTTTAAACTT ACAGCCATTC TAAGAGTATA TTACTTTTAG AGTGGCTATT	1800
	ATTTTTTGTA TAGAAATAAA GGTATACTGC ACTTAACGAT TGTATAATA CTTCGACACT	1860
20	TGTTCAATTT CACAATTATT AAAGATTATG ACTGATAGCA GTAATTAAAA TTATAACTAT	1920
	GAATTATCTG TAAAATATAA TAGATTCACA CATTGTGTCG TGAAATGTGA ACATTTTTCA	1980
	ACAAATGCAA TTGATATTTG AAAAGGCTTT CTCAAAACAT TACAATTAAA AATGAAAAAA	2040
25	GTTTATATAA AATTAAAATA TATCGTTCGT TATCATTTAG CGTTTGTTTT TATTTCAAGC	2100
	TTTTCGCTAA ATTTTCCAA ACAAATAT GTTACTGTAA ATTAAATAT GGTAAACTAT	2160
	GAAAATGAAA TGAAAACATG TTATTATAAT GAATAAACG TTTACAAGGA GGAAATTATG	2220
30	ACAGTTACTA TATATGATGT AGCAAGAGAA GCGCGTGTCT CTATGGCCAC AGTGTCGCGT	2280
	GTTGTTAATG GGAACCAAAA TGTTAAAGCA GAACTAAAA ATAAAGTTAA CGAAGTCATT	2340
35	AAGCGTTTGA ATTATCGTCC AAATGCTGTT GCTAGAGGTT TAGCTAGTAA AAAGACAACA	2400
	ACAGTAGGTG TGATCATTCC AGATATATCT AATATCTATT ATTCACAAC TACTCGTGGA	2460
	CTTGAAGATA TTGCAACAAT GTATAAATAT CACTCAATTA TTTCAAATTC AGATAACGAT	2520
40	CCTGAAAAGG AAAAAGAAAT TTTTAATAAC TTATTAAGTA AACAGGTGA TGGTATTATT	2580
	TTCCTTGGTG GTACAATTAC TGAAGAAATG AAAGAATTGA TAAATCAATC ATCTGTACCT	2640
	GTAGTAGTAT CAGGAACAAA TGGTAAGGAT GCACATATAG CATCAGTTAA TATTGATTTT	2700
45	ACTGAAGCTG CGAAAGAAAT TACGGGAGAA TTAATTGAAA AAGGCGCTAA ATCATTTGCT	2760
	TTAGTAGGTG GAGAACATTC TAAAAAGCT CAAGAAGATG TTTTAGAAGG TTAACTGAA	2820
	GTGTTAAATA AAAATGGCCT TCAATTAGGT GATACATTGA ATTGTTCTGG TGCTGAAAGT	2880
50	TATAAAGAAG GCGTAAAAGC TTTTGCCAAA ATGAAAGGCA ATTTGCCAGA TGCCATTTTA	2940
	TGTATCAGCG ACGAAGAAGC AATTGGTATT ATGCATAGTG CAATGGATGC TGGTATTAAA	3000

55

	CCACAAC TTT CTAGTGTTAT TCAACCATTA TATGATATCG GTGCAGTAGG GATGCGCTTA	3120
	TTAACAAAAT ATATGAACGA TGAAAAGATA GAAGAACCAA ATGTAGTTTT ACCTCACAGA	3180
5	ATTGAATACC GAGGAACTAC AAAATAAATT CACAAAATTA GGCATTTCATC TAACGACCCA	3240
	AATTATATGG GTGTTGGAAG AATGCCTTTT ATTTATCTTT TAAAATCGTT GCAGATTAGG	3300
	TTACTTATTG ACGAGTAGAT TCGTACCAAC TCGCTATATG TAAAGCTAAT TTTTATTTT	3360
10	TTTCACTAAT TTCTTTTGTG CGGGGGACAT AGGTATAATC ATTTAAACGA TCTTCCCATC	3420
	TTTTAGGTAA TAATTCAGAT GAATAATGTT TCCATTTATT AATCCATTCT AACGGTAAAT	3480
	AACCACTTTG AATTGGTTGA TCAATTAAAC TTAAGAATAC ATGACTCCAT GCACGTGGTA	3540
15	CGACTCTCCA AATATTGTAG CCTCCGCCAC CAAACATAAT TACCTTTCCA TTCGTATAAG	3600
	AATCAGCTAA ATATTTTACA AAATATGGAA TTTCATATAA TGAATGTAAC GTACAATTTA	3660
	GATGAGTTAG TGGATCACGA TAATGTATAT CGACACCATT TACGCTTAGA ATAATATCAG	3720
20	GTTTAAAACT CTTTACGACA GGCTCAACTG TTAATTTAAA ACACTCCAAA AATGATGCAT	3780
	CTTCTGTATA CGGTTCAAGT GGGACATTTA CAGTGTGTCC ATAGCCGATA TCTTCACCGC	3840
25	GCTCAGTATA GTGACCAGAG CCTGGGAAAA GAAATTTTCC GGTTCATGG ATAGAATAAG	3900
	TAGTAACATG GTTATCGGCA TAGAACTCC ATTGTGTACC ATCTCCATGA TGTGCATCGG	3960
	TATCTATGAT TAAAACGCGT TGATTGTATT CTTTAGCTAA GTATTGTGCG GTAATTGCAA	4020
30	TATCATTGTA TATACAAAAA CCACTTGCTC GACCAGGTTG AGCGTGATGC AAACCACCAC	4080
	CTAAGTGACA ACCATTTAAT ACTTTGCCTG ACATAATAAG ATCTGCTAAA GTTAAAGCGC	4140
	CTCCAACAAT TGTGGCACTA TGGCGGTGCA TATGCTTAAA TTGACCATTG TCTTCATCAT	4200
35	TTAATCCATA TTTCTTAGCC TCATCTTCAC TGATAATGCC ATGTGAAGCA TGCTTAATAG	4260
	CTTCGACGTA ATCATATTTA TGAATTAACA TTAATTCGTC ATCTGTTGCA ATTCTAGGTT	4320
40	GTACTATTTG TTCTGGAGAC AATAAATTTG CATTCAAAAG TAGCTCTGTT GTTAATTTTA	4380
	AACGCATTTG ATTGAAGGGA TGTGGTCAT GAAATCGATA TTGTAATAAC TTATCTGAAT	4440
	AAACATATGC AGTTTTTGAT GAATGTTGTT GCATATAATC CCTCCGATAT TCCAAAAATT	4500
45	AAAAGAAAAA CCGATTCATA TAACGAATAT CATCAAACGC TTGTTGCTGT TCTAATGTAA	4560
	TGTTTTTGCC AATTCTTGCC ATTAAACAAT TAGCTGGATG ACTTGTTATT TCTGGATCAT	4620
	CTGTAGCGAA TATTTCAAGT CCACCAGTTG CCATTAACCG CTGCATTAAT TTTTATAGT	4680
50	CAAATACATC TAACTTTGAA TTTTTTAAAT CCAATGCCA GTAATATTCT GTAGTTATAA	4740
	CGATATAATT CTCGAATTCT GGTGTAGAAA GGCTAAGTTG TATCAGCTTT TCTGCAAGTT	4800

55

	TACCTGTAGA CCAGCGCTCA ATTCATCAG GATAGTGGAA AGTGACATAA CCCACAATGA	4920
	GTTGATCTTG GCGAGCAACA TAAATTCTAC CTTCTGGTAA TGTTGTAATT TCTAACAAAG	4980
5	CTTTATACTG ATCTTCAGCA TCTCTAAATG CGGTAAATG CGCATCGAAA GTAAGCGCTT	5040
	TCAAATCTtC GTGTGTTAAA GGACCTTCAA TAACAAATTG CTTGTCATGA ATGTAATAAT	5100
10	CTTCGGATTG ATACGTCTTT AAATGATTCA TATTTTCAAC TCCTCAATCG ACGTCGTGAT	5160
	TGTATTAAAT TCATTATATA GAAaATTAC AATAATTAAT ACTAGAAAAA GGATAAAAGT	5220
	AAAAATTTTG AATAATTAGA AATGTTATGT ATAATATTGA GAAAGAAAGC GTTTTCACAT	5280
15	AACAAAGGGG GAGTTTCAAA TGAAAGTCGA AGTTTATAAA GGAGCGCAAG GTAAACATAA	5340
	CCTTAAAGAT TATGAAGAAA CATATAATAC TTTTGATTGG AAAGACGTAG AACAAGCATT	5400
	TTCTTGGAGT GAAACTGGAA AAATGAACAT GGCATATGAA TGCATAGATC GCCATGTAGA	5460
20	TCAAGGATTA GGGGATAAAA TAGCGTTAAA TTACAAAGAT GAGCACAGAA AAGAATCGTA	5520
	TACTTATAAA GATATGCAAC GGTATCTAA TAAAGCAGCG AATGTTTTGT CTGAACATGC	5580
	AGAAGTTGAC AAAGGTGACA GAGTATTTAT ATTTATGTCG CGTACACCTG AACTATATTT	5640
25	TGCGTTGTTA GGTGTTTTAA AAATTGGTGC AATTGTTGGG CCGTTATTTG AAGCATTAT	5700
	GGAAAAGGCA GTTGCGGATA GATTAGAGAA CAGTGAAGCT AAAGTGTTAA TTAATAATAA	5760
	GGCATTGTTA CCTCGAGTAC CTGTAGATAA ATTACCAAAC TTGAAAAAAA TTGTTGTCGT	5820
30	AGATGAGGAT GTAGAAGACA ATTACATAGA CTTCAATAGT TTGATGGAAA CTGCTAGCGA	5880
	TGAATTTGAC ATTGAATGGT TAAAGTCGGA TGATGGTTTG ATTTTACATT ATACATCAGG	5940
35	TTCTACTGGG CAACCTAAAG GtGTATTGCA TGTTCAACAA GCAATGTTAG TGCACTATAT	6000
	TTCTGGAAAA TATGTATTAG ATTTACAAGA AGATGATGTT TATTGGTGTA CAGCAGATCC	6060
	AGGTtGGGTT aCAGGAACAT CTTATGGTAT TTTTGCACCA TGGTTAAATG GCGCTACAAA	6120
40	TTGTATAGCT GGTGGTCGCT TTTCGCCAGA ACAGTGGTAT AGTATGATTG AAGATTTTAA	6180
	AGTGACGATT TGGTATACGG CACCAACAGC TTTAAGAATG TTAATGAGTG CTGGTGACGA	6240
	TATTGTTGAG AAATATGACT TGTCATCGTT ACGTTCGATT CTATCAGTAG GTGAGCCTTT	6300
45	AAATCCTGAA GTTATAAAAT GGGCGAAAAA AGTATACGGT TTAACGGTGT TAGATACTTG	6360
	GTGGATGACA GAAACAGGTG GACATATGAT TGTTAACTAT CCAACGATGG ACGTcAAGCT	6420
	TGGCTCAATG GGCAAACCAT TACCTGGTAT TCAAGCTGCA ATTATCGATG ATGCAGGGAA	6480
50	TGAATTACCA CCAAATCGAA TGGGCAACCT TGCTATAAAA AAAGGCTGGC CATCAATGAT	6540
	GTATCGTATC TGGAAGAATC CAGAAAAATA TAAATCATAT TTTATTGGAG ACTGGTATGT	6600

55

	TGATGTAATT	ATGACAGCTG	GTGAACGAGT	TGGACCATT	GAGGTTGAGT	CTAAATTGGT	6720
	TGAACACGAA	GCAGTTGCCG	AAGCAGGAAT	TATTGGTAAA	CCTGATCCGG	TTCGCGGTGA	6780
5	AATAATTAAG	GCGTTTGTTG	CACTGAGAAA	AGGATATGAA	CCAACAGACG	AATTAAAAGA	6840
	AGAAATTCGT	ATATTTGTTA	AAGAAGGTTT	GTCGGCACAT	GCAGCACCAC	GTGAAATCGA	6900
	ATTTAAAGAT	AAATTACCTA	AAACACGGTC	AGGTAAAATT	ATGAGACGTG	TATTAAAAGC	6960
10	TTGGGAATTA	AATTTAGATG	CTGGGGATTT	AAGTACAATG	GAATAATGAC	ATGAATGTTA	7020
	TTGAAGATTT	TTTTCGAAGA	ATAAAGGGTG	ACAACATATT	TCATGTCAAT	GTTTAAATAA	7080
	TCGTTTACTT	TACGATAAGC	AATATAAAGA	ACTGTTAACT	TGTGTCATAT	CATTTCTGTAG	7140
15	AAAGCATTTG	AAAATGATGA	CATAACAATA	ATGGCATATC	TTTATATTGC	TTTTTATTTT	7200
	TAATATGATC	TTTGAAGAT	GATTATTTTA	AATAATAGAA	AAATATAGTT	ATCAATAGTA	7260
20	TCAAGCGCTA	AAAGTTGTAT	AATACAAAAC	TTTAATAAGT	GAATTTATTG	CAAAAATGAA	7320
	AGCGCTAACC	CGATTTAGTC	GACAAGTTTT	TAACAGTTTCG	TTATTATATG	AATGTAAGTA	7380
	AAAATTTCTT	AGCTACAAC	TACATATTAT	AAATGCATAA	ATTAAACAAA	AAGGGGCGAA	7440
25	AAAAGTTGAC	TCATTTATCA	GATTTAGATA	TTGCGAATCA	ATCAACACTA	CAACCAATTA	7500
	AGGATATTGC	TGCATCAGTA	GGTATTTTCAG	AGGATGCATT	AGAACCCTTAT	GGTCATTACA	7560
	AAGCTAAAAT	CGACATTAAT	AAAATTACGC	CAAGAGAAAA	CAAAGGGAAA	GTTGTTTTAG	7620
30	TAAGTGGGAT	GAGCCCAACA	CCAGCTGGTG	AAGGTAAATC	AACGGTTACA	GTTGGTTTTAG	7680
	CTGATGCATT	CCATGAGTTA	AATAAAAACG	TTATGGTTGC	ATTAAGAGAG	CCTGCTTTAG	7740
	GACCAACATT	TGGTATCAAA	GGTGGTGCGA	CTGGTGGTGG	TTATGCGCAA	GTCTTACCTA	7800
35	TGGAAGATAT	CAACTTACAT	TTCAACGGAG	ATTTCCATGC	GATTACAAC	GCAAATAATG	7860
	CATTGTCTGC	GTTTATCGAT	AATCATATTC	ACCAAGGTAA	CGAATTAGGA	ATCGATCAAA	7920
40	GACGTATTGA	GTGGAAACGT	GTATTAGATA	TGAATGATCG	TGCACTTAGA	CATGTAAACG	7980
	TTGGGTTAGG	TGGACCTACA	AATGGTGTAC	CACGTGAAGA	TGGCTTTAAT	ATTACAGTAG	8040
	CGTCTGAAAT	TATGGCGATT	TTATGTTTAA	GTAGAAGTAT	TAAAGACTTA	AAAGATAAAA	8100
45	TTAGTCGTAT	TACTATTGGT	TACACTAGAG	ATCGCAAGCC	AGTTACAGTT	GCAGATTTAA	8160
	AAGTGAAGG	TGCACTTGCA	ATGATTTTAA	AAGATGCAAT	AAAACCAAAC	TTAGTACAAT	8220
	CAATTGAAGG	GACACCTGCA	TTAGTTCATG	GTGGACCATT	TGCGAATATC	GCACACGGTT	8280
50	GTAAGTCAAT	TTTAGCAACT	GAAACAGCAC	GTGATTTAGC	TGATATCGTT	GTAACGGAAG	8340
	CTGGATTTGG	TTTCAACTTA	GGCGCTGAAA	AATTCATGGA	CATTAAAGCG	CGTGAAGCAG	8400



	GTGTAGCGAA AGATAATTTA AAAGAAGAAA ATGTAGAAGC AGTAAAAGCA GGAATTGTTA	8520
	ATTTAGAGCG TCATGTTAAT AATATTAAAA AATTCGGTGT AGAACCGGTT GTTGCAATTA	8580
5	ATGCATTTAT ACATGATACC GATGCAGAAG TAGAATATGT AAAATCTTGG GCTAAAGAAA	8640
	ATAACGTACG AATTGCCTTA ACTGAAGTTT GGGAAAAAGG TGGTAAAGGT GCGGTTGACT	8700
	TAGCAAATGA AGTATTAGAA GTCATTGATC AACCTAATTC ATTTAAACCT TTATATGAAT	8760
10	TAGAATTACC ATTAGAGCAA AAGATTGAAA AGATTGTGAC TGAAATCTAT GCGGTTCAA	8820
	AAGTAACGTT TAGCAGTAAA GCGCAAAAAC AATTAAAACA ATTTAAAGAA AATGGTTGGG	8880
	ATAATTACCC AGTATGTATG GCGAAAACAC AATATTCATT CTCAGATGAT CAAACGTTGT	8940
15	TAGGTGCACC ATCAGGATTT GAAATTACAA TTCGTGAATT AGAAGCGAAA ACAGGTGCAG	9000
	GATTTATCGT AGCGTTGACA GGTGCAATCA TGAATATGCC TGGTTTACCT AAAAAACCAG	9060
20	CAGCATTAAA CATGGATGTT ACTGATGATG GTCATGCAAT TGGGTTATTC TAATAAATCA	9120
	TGTCAATTGT TTAATAAAGA TAAGTAAATA GTTTAATAGA CCGGACTGTT GGAGATGCAT	9180
	TATTTACAGCA GTTCGGTTTT TTGCTGTGCT AAAAATAGAT TCAATTTGGC GAATCTAACG	9240
25	ACAATGTTTG AAGGTGGTTA ATTAATGTAT ATGAAGATAA AAAGTGGGCT TGAAGAATAG	9300
	GAAAGCGATG CAATGAATAT TCCATATTAA AAAAAATTAA TAAATAGGT TGCAATATTT	9360
	AATTGGGATG CGCTACAATT AACACTAATA ATTGATATTG ATAATTATTA TCAATTAAAT	9420
30	ATAATCTTAT AGGAGTTGTT AACCAACATGA ACAAACATCA CCCAAAATTA AGGTCTTTCT	9480
	ATTCTATTAG AAAATCAACT CTAGGCGTTG CATCGGTCAT TGTCAGTACA CTATTTTTAA	9540
35	TTACTTCTCA ACATCAAGCA CAAGCAGCAG AAAATACAAA TACTTCAGAT AAAATCTCGG	9600
	AAAATCAAAA TAATAATGCA ACTACAACCT AGCCACCTAA GGATACAAAT CAAACACAAC	9660
	CTGCTACGCA ACCAGCAAAC ACTGCGAAAA ACTATCCTGC AGCGGATGAA TCACTTAAAG	9720
40	ATGCAATTAA AGATCCTGCA TTAGAAAATA AAGAACATGA TATAGGTCCA AGAGAACAAG	9780
	TCAATTTCCA GTTATTAGAT AAAACAATG AAACGCAGTA CTATCACTTT TTCAGCATCA	9840
	AAGATCCAGC AGATGTGTAT TACACTAAAA AGAAAGCAGA AGTTGAATTA GACATCAATA	9900
45	CTGCTTCAAC ATGGAAGAAG TTTGAAGTCT ATGAAAACAA TCAAAAATTG CCAGTGAGAC	9960
	TTGTATCATA TAGTCCTGTA CCAGAAGACC ATGCCTATAT TCGATTCCCA GTTTCAGATG	10020
	GCACACAAGA ATTGAAAATT GTTCTTTCGA CTCAAATTGA TGATGGAGAA GAAACAAATT	10080
50	ATGATTATAC TAAATTAGTA TTTGCTAAAC CTATTTATAA CGATCCTTCA CTTGTAAAAT	10140
	CAGATACAAA TGATGCAGTA GTAACGAATG ATCAATCAAG TTCAGTCGCA AGTAATCAAA	10200

55

	AGGCAACGAC CAATATGAGT CAACCTGCAC AACCAAATC GTCAACGAAT GCAGATCAAG	10320
	CGTCAAGCCA ACCAGCTCAT GAAACAAATT CTAATGGTAA TACTAACGAT AAAACGAATG	10380
5	AGTCAAGTAA TCAGTCGGAT GTTAATCAAC AGTATCCACC AGCAGATGAA TCACTACAAG	10440
	ATGCAATTAA AAACCCGGCT ATCATCGATA AaGAACATAC AGCTGATAAT TGGCGACCAA	10500
	TTGATTTTCA AATGAAAAAT GATAAAGGTG AAAGACAGTT CTATCATTAT GCTAGTACTG	10560
10	TTGAACCAGC AACTGTCATT TTTACAAAAA CAGGACCAAT AATTGAATTA GGTTTAAAGA	10620
	CAGCTTCAAC ATGGAAGAAA TTTGAAGTTT ATGAAGGTGA CAAAAAGTTA CCAGTCGAAT	10680
	TAGTATCATA TGATTCTGAT AAAGATTATG CCTATATTCG TTTCCCAGTA TCTAATGGTA	10740
15	CGAGAGAAGT TAAAATTGTG TCATCTATTG AATATGGTGA GAACATCCAT GAAGACTATG	10800
	ATTATACGCT AATGGTCTTT GCACAGCCTA TTACTAATAA CCCAGACGAC TATGTGGATG	10860
20	AAGAAACATA CAATTTACAA AAATTATTAG CTCCGTATCA CAAAGCTAAA ACGTTAGAAA	10920
	GACAAGTTTA TGAATTAGAA AAATTACAAG AGAAATTGCC AGAAAAATAT AAGGCGGAAT	10980
	ATAAAAAGAA ATTAGATCAA ACTAGAGTAG AGTTAGCTGA TCAAGTTAAA TCAGCAGTGA	11040
25	CGGAATTTGA AAATGTLACA CCTACAAATG ATCAATTAAAC AGATTTACAA GAAGCGCATT	11100
	TTGTTGTTTT TGAAAGTGAA GAAATAGTG AGTCAGTTAT GGACGGCTTT GTTGAACATC	11160
	CATTCTATAC AGCAACTTTA AATGGTCAAA AATATGTAGT GATGAAAACA AAGGATGACA	11220
30	GTTACTGGAA AGATTTAATT GTAGAAGGTA AACGTGTCAC TACTGTTTCT AAAGATCCTA	11280
	AAAATAATTC TAGAACGCTG ATTTTCCCAT ATATACCTGA CAAAGCAGTT TACAATGCGA	11340
	TTGTTAAAGT CGTTGTGGCA AACATTGGTT ATGAAGGTCA ATATCATGTC AGAATTATAA	11400
35	ATCAGGATAT CAATACAAAA GATGATGATA CATCACAAAA TAACACGAGT GAACCGCTAA	11460
	ATGTACAAAC AGGACAAGAA GGTAAGGTTG CTGATACAGA TGTAGCTGAA AATAGCAGCA	11520
40	CTGCAACAAA TCCTAAAGAT GCGTCTGATA AAGCAGATGT GATAGAACCA GAGTCTGACG	11580
	TGGTTAAAGA TGCTGATAAT AATATTGATA AAGATGTGCA ACATGATGTT GATCATTTAT	11640
	CCGATATGTC GGATAATAAT CACTTCGATA AATATGATTT AAAAGAAATG GATACTCAAA	11700
45	TTGCCAAAGA TACTGATAGA AATGTGGATA AAGATGCCGA TAATAGCGTT GGTATGTCAT	11760
	CTAATGTCGA TACTGATAAA GACTCTAATA AAAATAAAGA CAAAGTCATA CAGCTGAATC	11820
	ATATTGCCGA TAAAAATAAT CATACTGGAA AAGCAGCAAA GCTTGACGTA GTGAAACAAA	11880
50	ATTATAATAA TACAGACAAA GTTACTGACA AAAAAACAAC TGAACATCTG CCGAGTGATA	11940
	TTCATAAAAC TGTAGATAAA ACAGTGAAAA CAAAAGAAAA AGCCGGCACA CCATCGAAAG	12000
55		

CATGGTGGGG CTTATATGCG TTATTAGGTA TGTTAGCTTT ATTCATTCCT AAATTCAGAA 12120  
 AAGAATCTAA ATAATTAnCT AAATATAGCA TATGTATGAT TAACTTTGTA GAC 12173

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 311:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1316 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 311:

CAACATTAAT ATTGATATTA AATCTTCCTG GATAACGTGC TTGTTGAGT GATAAGTATG 60  
 CACGCACTTG ACTTAACTCT TTATCTAAAG TAATCGTATG TTGCTTAGAG CCTTGTAAT 120  
 TCGCTCTGAA AAAATAACTC AATTCTAATA GTAACCTCTG TGCCTTTTCG CTATTTATTC 180  
 TAACTAAAGC TGAGATCGTG TTAATTGAAT TGAAGAAAAA ATGTGGACTC ACTTGTGCCT 240  
 GTAATGACTT AATCTCAGCA TCTTTCAATA ACTTACTTTG CGTTTCGGCT TCACCAAGTT 300  
 CAATTTGGCT ACTAAAAATA TTTGCCAATC CTTCTGCAAG TTGACGTTCC ACAAAGTTA 360  
 AATCATTAGG GTTTGTAAAA TACATCTTCA ATGTACCGAC GATAGAACCA TGCATCTCAA 420  
 GTGGTATCAC GATAGCTGCT CTAAGCGGGC AATTCGGATG ACTACAACCA ATCTCTTCTT 480  
 TAGTATGAAC TTCTTTCAAC TTTCTGATT TCAATACATC TTTAGACAGA CTTGTTAATA 540  
 TTTCATTTGT TGGTATGTGA TGATCACTAC CTGCACCTAC ATGCGATAAG ATTTCATTTT 600  
 TGCTTGTAAT TGCTACGGCA GATACTTTCA TTAAATTTTT AATAATCATC GCAATTTGCT 660  
 GTGCCGATTC TCTATTCAAT CCTTCTTTAA AATACGGCAA TGTCTGGTTC ATCAATTGCA 720  
 GTAATCATG TGTTTGAACA GCCTTCATTT GCTCCTCTTG CTTAATGTT GAAATGATAA 780  
 TAGACATAAA AATCGCCGTA CCAACGCTAT TAACAATAAT CATTGGTAGT GCAATTAATG 840  
 ATATGAGGTC AACCGCATAT GCTTTGTCGT GGGAAAATGT TAAAATGCTC AACATTTGAA 900  
 TCATTTCCAT AACAATTCCA ATCATGGCAC TTTTCGCAAT ACTCGGGTAA CGCTTGCCTC 960  
 TTTGAGCTTG TAAGCCAAAA TAACCAGCAA TTATACCAAT AAATATAGAT GAGATAAGAT 1020  
 AAAGTTGTGC ATCCGCCCCA CCCATATACA CTCTGAAAAT ACCTGAAATA ACGCCAACAA 1080  
 ATAGACCTAC AAAAGGGCCA CCAACTAATC CTGCGACACC TATCGTTAAT ACACGTGTGT 1140  
 TAGCTAAAGA TACATCATCA TCTAAACGGA AGTACACACT TCCTGACAAA CTATGTTGAT 1200  
 GATCGATGAC GATACCAGTT AAATTAGACA TTAAGGCAAA CAACTGAAA ATAATACATA 1260

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 312:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 7972 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 312:

	TATAAATATT ATTTTATTAT CGTTTATCGC TATTTGTGTT ACATAATCAA AACCATAAAT	60
15	TCTTACTCAT TCAGATTTAC CCAATATTTT TACTTTTATA ATGTAATGCG TTTTATCCAA	120
	GTTATTTTTT AAAAATAAAT ATTGAATTnG GGGCTGnTTT CATGTCATTA AGAGATGAAG	180
	CATTGGAAAT GCACAAACGT AATCAAGGTA AATTAGAAGT TAAACCAAAT GTAAAAGTTA	240
20	CTAATAAAGA GGAATTAAGT TTAGCATACT CACCTGGCGT TGCTGAACCG TGTAAGATA	300
	TTTATGAAGA TAAAAGAAAA GTATATGATT ACACAATTAA AGGAAATACA GTTGCAGTTA	360
	TTACTGATGG AACAGCGGTA TTAGGTTTAG GTAACATTGG ACCTGAAGCA AGTATTCCTG	420
25	TAATGGAAGG TAAAGCAGTA TTATTCAAAA GCTTCGCTGG TATCAATGGG GTGCCTATTG	480
	CGTTAAATAC AACTGATACC GAAGAAaTCA TTAAACAGT TAAGTTGTTA GAACCTAATT	540
	ATGGTGGTAT TAATTTAGAG GATATTTTCGG CACCACGTtG TTTTGAAATT GAAGAACGAT	600
30	TGAAAAAAGA AACTAATATT CCGGTATTCC ATGACGATCA ACATGGTACA GCAATTGTAA	660
	CATTGGCAGG TTTGGTAAAT GCATTGAGAG TTGTTAACAA AGATATTGCT AAAATAAAAG	720
35	TTGTACTAAA TGGTGCTGGT GCAGCAGGAA TAGCCATTGT TAAATTACTA TACGCGTATG	780
	GTGTAAGAAA TATGGTTATG TGTGACTCAA GAGGCGCAAT TTTTGAAGGA CGTTCATATG	840
	GTATGAATCC TACGAAAGAT GTTGTAGCAA AATGGACAAA TAAAGATAAG ATTGAAGGGT	900
40	CTTTAGAAGA AGTCGTAAAA GACGCAGATG TATTTATCGG GGTTCCTGTA GCTAATGCGC	960
	TGTCACAAGA TATGGTTAAG AGTATGGCAG ATAATCCAAT TATATTTGCA ATGGCTAATC	1020
	CAAATCCTGA AATAATACCT GATGATGCCA AAGCGGCAGG TGCACGAGTT GTTGGTACAG	1080
45	GACGTTCAGA CTATCCTAAC CAAATTAATA ATGTATTAGC TTTCCCTGGT ATTTTLAGAG	1140
	GTGCATTAGA GGTGAAGCT ACACATATAA ATGAAGAAAT GAAAAAGGCA GCTGTAGAAG	1200
	CGATTGCTGA TTTAATCGAT AGTTCTGAAT TAAATGAAGA CTAATGTATC CCAGGACCGT	1260
50	TTGATAAACG TGTAGCGCCA TCAGTTGCTC GTAATGTTGC TAAAGCGGCA ATGGAATCTG	1320
	GAGTAGCTAG GATTGAAGTT GATCCGCAAG ATGTGTATGA TAAACAATG AACTTACAG	1380

	ATTAAAATGA TGAAAATGAA AGTTTATGAT AAACATTCAA CAGTCAAACG AATATAAATC	1500
	AAATAAATTT AAACCCGTTT TTAAGTGGTC AAGTTCAGTT TAAGGCTCTA AATGGTTAGA	1560
5	ACAGAGGTTA TTTGGAGGTT TTCCTATGTT TAAAGATTTT TTTAATCGAA CAAAGAAAAA	1620
	GAAATATCTT ACAGTACAAG ACTCTAAAAA TAATGATGTG CCTGCAGGTA TTATGACTAA	1680
10	GTGTCCAAAG TGTAAGAAAA TTATGTACAC AAAAGAATTA GCTGAAAATT TAAATGTGTG	1740
	CTTTAATTGT GATCATCATA TTGCTTTAAC TGGGTATAAA CGTATAGAAG CAATTTCTGA	1800
	TGAAGGATCA TTTACAGAAT TCGATAAGGG AATGACCTCT GCGAATCCAT TAGATTTTCC	1860
15	aAGTTATTTA GAAAAAATTG AAAAGGACCA ACAAAGACA GGTCTTAAAG AAGCAGTTGT	1920
	GACTGGTACA GCACAAC TAG ATGGTATGAA ATTTGGCGTT GCTGTCATGG ATTCACGTTT	1980
	TAGAATGGGA AGTATGGGAT CGGTTATCGG TGAAAAGATA TGTCGCATCA TTGATTACTG	2040
20	CACTGAGAAC CGTTTACCAT TTATTCTTTT CTCTGCAAGT GGTGGTGCAC GTATGCAAGA	2100
	AGGTATTATT TCCTTGATGC AAATGGGTAA AACCAGTGTA TCTTTAAAC GTCATTCTGA	2160
	CGCTGGACTA TTATATATAT CATATTTAAC ACATCCAAC ACTGGTGGTG TATCTGCAAG	2220
25	TTTTGCATCA GTTGGTGATA TAAATTTAAG TGAGCCAAAA GCGTTGATAG GTTTTGCAGG	2280
	TCGTGAGTT ATTGAACAGA CAATAAACGA AAAATTGCCA GATGATTTCC AACTGCAGA	2340
30	ATTTTTATTA GAGCATGGAC AATTGGATAA AGTTGTACAT CGTAATGATA TCGTCAAAC	2400
	ATTGTCTGAA ATTCTAAAAA TCCATCAAGA GGTGACTAAA TAATGTTAGA TTTTGAAAAA	2460
	CCACTTTTTG AAATTCGAAA TAAATTTGAA TCTTTAAAG AATCTCAAGA TAAAAATGAT	2520
35	GTGGATTTAC AAGAAGAAAT TGACATGCTT GAAGCGTcAT TGGAACGAGA AACTAAAAAA	2580
	ATATATACAA ATCTAAAACC ATGGGATCGT GTGCAAATTG CGCGTTTGCA AGAAAGACCT	2640
	ACGA <sup>~</sup> CCCTAG ATTaTATTCC ATATATCTTT GATTCGTTTA TGGAACTACA TGGTGATCGT	2700
40	AATTTTAGAG ATGATCCAGC AATGATTGGT GGTATTGGCT TTTTAAATGG TCGTGCTGTT	2760
	ACAGTTaTTG GACAACAACG TGGAAAAGAT ACAAAGATA ATATTTATCG AAATTTTGGT	2820
	ATGGCGCATC CAGAAGGTTA TCGAAAAGCA TTACGTTTAA TGAAACAAGC TGAAAATTC	2880
45	AATCGTCCTA TCTTTACATT TATAGATACA AAAGGTGCAT ATCCTGGTAA AGCTGCTGAA	2940
	GAACGTGGAC AAAGTGAATC TATCGCAACA AATTTGATTG AGATGGCTTC ATTAAAAGTA	3000
50	CCAGTTATTG CGATTGTCAT TGGTGAAGGT GGCAGTGGAG GTGCTCTAGG TATTGGTATT	3060
	GCCAATAAAG TATTGATGTT AGAGAATAGT ACTTACTCTG TTATATCTCC TGAAGGTGCA	3120
	GCGGCATTAT TATGGAAAGA CAGTAATTTG GCTAAAATTG CAGCTGAAAC AATGAAAATT	3180

55



	GGTGACATA AAGATATTGA ACAGCAAGCT TTAGCTATTA AATCAGCGTT TGTGACAG	3300
	TTAGATTCAC TTGAGTCATT ATCACGTGAT GAAATTGCTA ATGATCGCTT TGAAAAATTC	3360
5	AGAAATATCG GTTCTTATAT AGAATAATCA ACTTGAGCAT TTTTATGTTA AATCGATACT	3420
	GGGTTTTACC ATAAATTGAA GTACATTAAA ACAATAATTT AATATTTAGA TACTGAATTT	3480
	TAACTAAGAT TAGTAGTCAA AATTGTGGCT ACTAATCTTT TTTTAATTAA GTTAAAATAA	3540
10	AATTCAATAT TTAAACGTT TACATCAATT CAATACATTA GTTTTGATGG AATGACATAT	3600
	CAATTTGTGG TAATTTAGAG TTAAAGATAA ATCAGTTATA GAAAGGTATG TCGTCATGAA	3660
	GAAAATTGCA GTTTTAACTA GTGGTGGAGA TTCACCTGGA ATGAATGCTG CCGTAAGAGC	3720
15	AGTTGTTCGT ACAGCAATTT ACAATGAAAT TGAAGTTTAT GGTGTGTATC ATGGTTACCA	3780
	AGGATTGTTA AATGATGATA TTCATAAACT TGAATTAGGA TCAGTTGGGG ATACGATTCA	3840
20	GCGTGGAGGT ACATTCTTGT ATTCAGCAAG ATGTCCAGAG TTTAAGGAGC AAGAAGTACG	3900
	TAAAGTTGCA ATCGAAAAC TACGTAAAAG AGGGATTGAG GGCCTTGTAG TTATTGGTGG	3960
	TGACGGTAGT TATCGCGGTG CACAACGCAT CAGTGAGGAA TGTAAGAAA TTCAAACATAT	4020
25	CGGTATTCCT GGTACGATTG ACAATGATAT CAATGGTACT GATTTTACAA TTGGATTTGA	4080
	CACAGCATT AATACGATTA TTGGCTTAGT CGACAAAATT AGAGATACTG CGTCAAGTCA	4140
	CGCACGAACA TTTATCATTG AAGCAATGGG CCGTGATTGT GGAGATCTAG CATTATGGGC	4200
30	TGGATTATCA GTTGGTGCTG AGACAATTGT AGTTCAGAA GTGAAAACAG ATATTAAAGA	4260
	AATAGCTGAT AAAATTGAAC AAGGTATTAA ACGTGGTAAG AAACACTCAA TCGTTCTTGT	4320
35	AGCAGAAGGT TGTATGACTG CGCAAGATTG TCAAAAAGAA TTATCACAAT ACATCAATGT	4380
	TGATAATAGA GTGTCTGTGT TAGGTCACGT TCAACGTGGT GGTAGCCCAA CAGGTGCGGA	4440
	TAGATTTTIA GCATCACGTT TAGGTGGATA TGCGGTAGAC TTATTAATGC aAGGTGAAAC	4500
40	AGCTAAGGGT GTTGGAAATTA AGAACAATAA AATTGTAGCA ACATCTTTTG ATGAAATTTT	4560
	TGATGGTAAA GATCATAAAT TTGATTATAG TCTATATGAA CTTGCTAACA AGTTATCTAT	4620
	ATAAGATTTT AGGAGGAATT ATAAAATGAG AAAAATAA ATTGTATGTA CAATTGGACC	4680
45	AGCTTCAGAA TCAGAAGAAA TGATTGAGAA ATTAATCAAT GCTGGTATGA ACGTTGCACG	4740
	ATTAACTTT TCACATGGTA GTCATGAAGA GCATAAAGGT AGAATTGATA CAATTCGTAA	4800
	AGTAGCTAAA AGATTAGACA AAATTGtAGC AATTTTATTA GATACAAAAG GTCCAGAAAT	4860
50	TCGTACGCAT AATATGAAAG ACGGTATCAT TGAAC TTGAA CGTGGCAACG AAGTTATTGT	4920
	TAGCATGAAT GAAGTTGAAG GAACACCTGA AAAGTTCTCA GTAACATATG aAAACTTAAT	4980
55		

	TAAAGATATT GACCATGCTA AAAAAGAAGT TAAATGTGAT ATTTTAAACT CTGGTGAGCT	5100
	TAAAAACAAA AAAGGTGTTA ACTTACCTGG CGTAAGAGTA AGTTTACCTG GTATTACAGA	5160
5	AAAAGATGCT GAAGATATCC GTTTCGGTAT TAAAGAAAAT GTTGACTTCA TTGCAGCAAG	5220
	TTTCGTACGT CGTCCTAGTG ATGTTTTAGA AATTCGTGAA ATTTTAGAAG AACAAAAAGC	5280
10	TAACATTTCA GTATTCCCTA AAATTGAAAA CCAAGAAGGT ATTGATAATA TTGCGGAAAT	5340
	TCTTGAAGTG TCTGATGGTT TAATGGTTGC ACGTGGTGAC ATGGGTGTTG AAATTCCACC	5400
	TGAAAAAGTA CCAATGGTTC AAAAAGATTT AATCAGACAA TGTAACAAAT TAGGTAAACC	5460
15	AGTTATTACA GCTACACAAA TGTTAGATTC TATGCAACGT AACCCACGTG CTACACGTGC	5520
	AGAAGCTAGT GACGTTGCCA ACGCAATCTA TGATGGTACA GATGCAGTAA TGTTATCTGG	5580
	TGAAACTGCT GCTGGTTTAT ATCCTGAAGA AGCTGTTAAA ACAATGAGAA ATATTGCTGT	5640
20	ATCAGCTGAA GCAGCCCAAG ATTACAAAAA GTTATTGTCA GATCGTACTA AATTAGTTGA	5700
	AACTTCATTA GTGAATGCTA TCGGTATTTT GGTGTCACAT ACAGCTTTAA ACTTAAATGT	5760
	TAAAGCAATT GTAGCTGCTA CTGAAAGTGG TTCAACGGCA CGTACTATCT CCAAATATCG	5820
25	TCCACATTCA GACATTATTG CGGTGACTCC AAGTGAAGAA ACTGCACGTC AATGTTCAAT	5880
	TGTTTGGGGA GTTCAACCTG TAGTTAAAAA AGGACGTAAG AGTACAGATG CATTGTAAAA	5940
30	CAATGCAGTT GCAACAGCTG TTGAAACTGG TAGAGTATCT AATGGTGATT TAATCATTAT	6000
	TACTGCTGGT GTACCAACTG GTGAAACTGG AACTACTAAT ATGATGAAAA TCCACCTAGT	6060
	TGGTGACGAA ATTGCTAATG GTCAAGGTAT TGGACGTGGA TCAGTTGTTG GTRACTCGTT	6120
35	AGTTGCTGAA ACTGTTAAAG ATTTAGAAGG TAAAGATTTA TCTGACAAAG TTATCGTTAC	6180
	TAActCAATC GATGAAACGT TTGTACCTTA TGTAAGAAAA GCTTTAGGCT TAATTACAGA	6240
	AGAAAATGGT ATTACATCAC CAAGTGCAAT TGTGTTGTTA GAAAAAGGTA TTCCAACAGT	6300
40	TGTAGGTGTA GAAAAAGCTG TTAAAAACAT AAGCAATAAC ATGTTAGTTA CGATTGATGC	6360
	TGCTCAAGGT AAAATCTTTG AAGGATATGC AAACGTACTA TAATTTATAA AAAAACGTCT	6420
	TTCCATTTAT CAACAATGGA AAGGCGTTTT TTGGTTcATC TGGTATTTTA TGACGTAATT	6480
45	AATAGGTTAT TTGATAATGA TAGTGTATGA ATGGCAATCT ATATAAATGT TTATATCTTT	6540
	TATACATGTA CATTATCACC TTCAAACCTT CACTCATATT ACTTTGGAAA TTTATTATAA	6600
	AATAGAAGTA TGGATGTATT TCTGAAATGA TACATTATTA AATAGATGAG AAAGTAAAG	6660
50	TTTTGAGCCA AGTACGCAAT TTAATATTAT AAGTTGCATA TAAACAGGA TGGGACATAA	6720
	ATCCCTAAAA AAACAGCAGT AAGATAATTT TCAATTAGAA AATATCTTAC TGCTGTTCTC	6780

55

5 tCTTCGACTG GCACTGCTCC CTCAGGAGTC TCGCCATTAA TACTACGTAT TAACATGTAA 6900  
 TTTTACTTTT ACATACTTTA AAAAAATAAA ACACTTTGCC CAACTTGCAC ATAAATGTAA 6960  
 AATTCAATAA AATGAATTTT CTGTGTTGGG TCCCTTCGTA TAATTTAATA AATACCACTA 7020  
 AACTAAATTA ACGAGGTGCC TTATGTATAA AATTTATAAC ATGACCCAAC TTACACTACC 7080  
 10 AATAGAAACC TCTGTTAGAA TTCCTCAAAA TGATATTTTCG CGATATGTTA ATGAAATTGT 7140  
 TGAAACGATA CCTGATAGCG AATTCGATGA ATTCAGACAT CATCGTGGCG CAACATCCTA 7200  
 TCATCCAAAA ATGATGTTAA AAATCATCTT ATATGCATAT ACTCAATCTG TATTTTCTGG 7260  
 15 TCGTAGAATA GA- AAATTAC TTCATGACAG TATTCGAATG ATGTGGTTAG CTCAAGATCA 7320  
 AACACCTTCT TATAAAACTA TTAATCGTTT TAGAGTGAAT CCTAATACTG ATGCGTTAAT 7380  
 TGAATCTTTA TTTATTCAGT TCCATAGTCA ATGTTTAAAG CAAAATCTTA TTGATAATAA 7440  
 20 TTCAATTTTT ATTGATGGTA CAAAAGTAGA AGCTAATGCC AATAGATATA CATTTGTGTG 7500  
 GAAGAAAAGT ATTCAAAATC ACGAATCGAA ATTGAACGAA AATTCAAAAA CATTATATCG 7560  
 TGACTTAGTT GAAGAAAAAA TAATACCAGA GATAAAAGAA GATGGAGATA GCGATTTAAC 7620  
 25 AATAGAAGAA ATAGATTTAA TTGGTAGTCA TTTAGATAAA GAAATCGAAG ATTTAAATCA 7680  
 TTCTATTGAG AACGAAGATT GTGCTCAAAT TAGAAAACAG ACCCGTAAAA AAATAACTGA 7740  
 GATTAAGAAG TTCAAAAAGA AATTTGATGA TTATTCCGAA AGAAAAAATA AATATGAAGA 7800  
 30 ACAAAAATCG ATTCTTAAAG ATAGAAATAG TTTTCTAAA ACTGATCTGA TCATGATGCA 7860  
 ACTTTTATGA GAATGAAGGA AGACCATATG AAAAATGGCC AACTTAAGCC AGGATACAAT 7920  
 35 TTACAAATAG CGACAAATTC TCAAAAATGT TTTATCCTAT GACCTATTTT AA 7972

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 313:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 40 (A) LENGTH: 3175 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 313:

45 ATTTTTTAGT TAATTGTCTT TCTTAAATA ATTTAGCTT TCATTAAATT AAACAATTTT 60  
 ACAAGCTTGG AACACCAATC AAAATCCTAA GTTCTAAAAT GCAATATTAG TAGTCGTTGA 120  
 50 CTGAATGAAC ATATGCTTAT AATATTTTTT TGCAATGCTA GTCAAGTTGA TTTATGCTCA 180  
 CAAGGATATG CGATTTATAT TTTCTTACAA CAATGAAAAT GCCTGATACA ATGCGATCCT 240

55

	AATTAAATTA TTGTTGTTTT AACCATTGTA CTATCGTCGG AATCATAAAT CCTGTTGGCC	360
	CTTTTGGACC ATTATATGAA GCTTTATTAG TCGTTGCTGG ACCTGCAATA TCGAAATGAA	420
5	TGTGAGGTGT TTGACCACTA AAATGTGTTA CAAAACTTGC CGCAAATAGC GCTTTACCTT	480
	GTCCATTCGT ATGGTTAACT AAATCAGCGA TATCACTGTG TTTAATACTT GCACGTTCCG	540
	TTGCAGTAAT CGGTAATTCA AATACCATTT CATCGACTTC AGAACTTATT TGTAATATAT	600
10	CGTTTAATAT CACTTTACTA TTCGATTCAA ATGCAGCAGC TTTATCATCG CCTAGTGCAa	660
	CAATTGCTGC ACCCGTTAAT GTAGCAAAGT CCATAATCAC ACTAGGCTGA TATTGATTTG	720
	CATAAAACAC AGCATCTGCA AGGACTAATC TACCTTCAGC GTCTGTATTG ATTACTTCTA	780
15	CAGTTTCACC ACTTAATGCT GTAAATACAT CATCTGGcTT CATTGATGCT TCATTTATCA	840
	TATTTTCAGC ACACGCAAGC ACTCCGACAA TATTTACAGG CAGTTGTAAA CGAcTAGCCG	900
20	CTTCAATGAT ACCAACGACA TTCGCAGCGC CACACATGTC AAACCTTCATT GTAGCCATGC	960
	CATTCTTCGT TTTAATACTA TAACCACCAG AATCATACGT TATACCTTTA CCAACTAAGG	1020
	CAATTGGTGC TTCATCTTTG TCTTTGCCAT TATATGTGAT GGTTACTAAT CTCGGTTTAT	1080
25	GCTTACTACC TTTACCTACT GCTTGTA AAA GTCCGAATCC TTCAGAACT AAAGTGTCAT	1140
	AATCTTTAAC ATCTACTTTG ACCTTTGTAT TTTTAAAATG ATTAACAATA TCTTCTGcAA	1200
	ATGTTTGTGG TGtTAATACA TTCGGTGGcA TATTACTAAA GTCTCyTGcC AAATTAATGG	1260
30	aTTGGcCAAT ACTGATACCC TCATGAATAA AATCTAATTC AATTAATGAT TCACTAATAA	1320
	GGkTTAAATT CGTCTTAAAC GGtGCCTTCT kACTTgrTTT ATAATGATCG aATyCATATG	1380
	kTGcACGCTC ACTTTGGAAT ACCGCATGCC ATTAATACAT CTGgATAACT GgATCcATAT	1440
35	TTTGgAnATA AATGaATCCa TAAGTAAATA CGTATCTTCa ATGTGTTCTG ACTTTATGTA	1500
	TTGGAAAAGA TGTCCCCaTA TTTTCAACAT ATCTTGATAA tACGTGTCTT TAAGTTTCCT	1560
40	AAACCAACTG TAATTAAACG ATATGTTTGA TCTTGACAT CAAATGCAGT TGTATAAATC	1620
	TTCCCAACTT TACTACCAAT AATATGTTGA TGTMTTAGTC TTTCAAGTGA TTCTGTAATA	1680
	TCGATATGAT TAAAACTAAT GCGCTCTAAC TGATTTAAAT GTTCTGGTAT ACCAATAATC	1740
45	AATGTATTTA TTTCGTTGCT TAGTGTGTTA TTTAATTTAA AATTCATAAT GTACCTCCTT	1800
	AGATTTGATA TGTTACTCAC TTCAAATTGT ACAACAATAA AGCCCTcAGT GACACTGAAG	1860
	GACTTTATAA ATGAATAATT TAATTTTATG TGTTTAGCTG AAACCTTTATT TAAAGCCTAG	1920
50	AATTTACCTT TTTTGAATGC TAAACCGATA CCACCGATTT TGAATACCGC ACGTGTATCA	1980
	ATCACTTTTT TCATGAATGC TGCTTTTTTA CCAGCGATAG GTTTACCAA TACCATACCT	2040
55		

GTTGATTCAC CGTTTAAGAT GCGTTTAATG TTTTGTAGCAA CACTTTCACC TTGTTGCATT 2160  
 GCAATTTGTG CTGTAGTTGG TAATGGACGT TCTTCTCCAG CTGGGATAAA CGCTGAACAG 2220  
 5 TCACCAATAA CAAAAATGTT GTCGTAACCA TTGATTGTTA AATCTTGCTT TGTAACGATA 2280  
 CGTCCACGTT TAACGCCTTC AAATGATTCT TCCATTAAAT TACTACCACG TACACCAGCT 2340  
 GCCCATACTG AAGTACCTGC ATTTAATTGT TGTTTTTCAC CATCTACTTC AACTACAAAA 2400  
 10 CCTTTTTTCGT TACAAGCAAC GATTGGTGTA GCAATTTTAA ATTCAACACC GCGGTCTTCT 2460  
 AAGTAGCTAA CTGCGTGGTT AACTAATTCT TCTGAGAACA TTGGTAACAT TTTAGGTGCT 2520  
 GCTTCAACAC AAGTGATTTT AACTTTATTT TGATCCACAC CATATTTGCT ACATAATTCA 2580  
 15 GGAATTCTGT CTGTTAATTC ACCTAAGAAT TCAACACCAG TGAATCCAGC ACCACCAACT 2640  
 AAGATAGATA AATCGTTATC ATCTTTTTCT TTTGATGCTG CATAGTTAGC AAATTTGTCT 2700  
 20 TCGATATGAC GTGATAATTC ACGTGCTGTG ATAACATTTT CAATTTGGAA AGCATGATCT 2760  
 TTCATACCTT CGATGCCGAA TGTTTCACTA ACGAAACCTA ATGCTACTAC TAAAATATCA 2820  
 AAGTCATAAA TACCTTGATT TGTTTCTACC TTTTGTAGCAT CACGGTCAAT TTTTGTTACT 2880  
 25 TCTGCTTGAA CAAAGTTCAC TTTGTCTTTC TTCAAGACAC TTTCCACAGG ATATAATACA 2940  
 TCTTCATAGT TTAGTGATCC TGCTGATGCT TCATGTAACC ATGTTGCTTC ATAGTGATAT 3000  
 TCATTTTAT TAATAAGCGT AATTTCTGCT TCTTCTGTTG ATATCGCTTT TTGCAATTTA 3060  
 30 GTTACAGTTT GTAAACCTGC ATAACCAGCA CCAAGTACAA GTACTTTTTT ACGATCTTGA 3120  
 GCCATTTAAT TnCACCTAAG CnTTCATATT TTTTAAACCA AATGCTGATA ATTAC 3175

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 314:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 702 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 314:

45 CATCATTATT AAAGATTTTC AATCAATACA gAATCACAAT ACGTACGCAT TGTGCACGAT 60  
 AAAAATACAG ATGTGTATAT TAACTATGAA CTACAAGAGC AACTAACGAA CAAAGCTTAC 120  
 ATTGGTGATC ATATTTATGT TGAAGGGATA TGGCTCGAAG TACAAGCTGA TGGTTTAAAT 180  
 50 GTATTGAGTC AGAATACAGT GGCATCGTCA TTAATTCGCT TAACACAAGA GATGCCACAT 240  
 GCACAGGCAG ATGATTACAA TACGTACCAT CGTTCGCCAA GGATTATTCA CCGTGAACCG 300



TGGCGTTCCA TTATACCGCC ATTAGTAATG ATTGCTTTAA CTGTTGTCAT CTTTTTAGTG 420  
 AGACCAATTG GTATTTATAT TTTAATGATG ATTGGTATGA GTACAGTAAC GATAGTATTT 480  
 5 GGTATTACAA CGTATTTCTC TGAAAAGAAA AAGTATAACA AAGATGTTGA AAAACGAGAG 540  
 AAAGATTACA AAGCTTATTT GGATAATAAA TCTAAAGAAA TTAATAAAGC GATTAAAGCA 600  
 CAACGTTTTA GTTTGAATTA CCATTATCCA ACGGtTGCTG AAATTAAAGA TATCGTTGAA 660  
 10 ACGAAAGCAC CAAGAATATA TGAnAAAACC ATCGGCATCA TC 702

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 315:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4121 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 315:

TATGTTCCGA CAACGAAACA AAGTGTAATT ACAAGAGCAA AGATAACTTT GAATGTTTGT 60  
 25 AAACGTCCAT CTTTACCTTC AGTTAAATGC ATGAACATTA ATAATTGAAG TCCTGCTTGG 120  
 ACGAATGCAA AGCCAAAGAT AATTGTCAAC TTCGCGTGGA ATGTTAATGA CGTGTATAGT 180  
 GTTACGTAAA CTGCTAAAAG CGTTAATACG ATAGATGCGA TAAATCCTAC AGTATGTTTC 240  
 30 ATTATTGTAC TCATCCGCTA TACACCATCC CTATCATATA TACGGCAGTA AAGATGAAAA 300  
 CCCAAACAAC ATCTAAGAAG TGCCAGTATA AACTTACTAT AAATAATTTT GCCGCATTAT 360  
 ATTTGTCTAA TCCGCGTCGT TGGATTGGA TTAATAACA AATGGCCCAA ACGATACCTA 420  
 35 GCGATACGTG ACAACCATGC GTTCCTAATA GGATAAGAA ACTAGACCAG TAAGAACCAA 480  
 TTGTTGGGTT AACGCCTTCT GATGCATAGT GTGCGAATTC ATAAATTTTCG AATCCAACAA 540  
 40 AGACTAAACC TAAAAGTAAC GTAATGATCA TCCAAAACAT CATTAACTTT TGTTTTCTT 600  
 GGCGCATGTA GTAAATAGCA ATACCACATG TGTAAGAACT GAATAATAAT GCAAACGTCA 660  
 TTATTAAAAC AAGAGGCAAT TCAAATAACT CAGTAGTCAT TTTACCTGCA TAATCGCCAC 720  
 45 CATGTTGCAA AGTTAATAGT GTCGCAAATA GGGTACCGAA TAACGCAAAT TCGGCTGTAA 780  
 TGAAAATCCA AAAGCCAAGC TTATTTAATT CGCCTTCATG TGTGCGTGAA TCAATAGTGT 840  
 TTGTATCATG ACTCATGACT TACAGCCTCC CTTTCTTTAA TACGCGCTTC TCTTAATCTA 900  
 50 GCTTCAGTTT CTGCAACTTC AGCAGCAGGG ATATGATATC CGTGATCGAT TTGGAAACTG 960  
 CGATAAATCA TAGTACCAA AATACCGAAT AAACAAATTA ATGCTGGAAT TACAGTTTCG 1020

	TTGTTTGGCA TATGAATGTC TTTGTAATTA TGGTTGTCTA AGTAATGACG ACCATGTTCT	1140
	TTCATATCAA CAAATGTGTC GTAGTCATTC CAATCTGGTG TAATGGCAA GTTGTATTTA	1200
5	GGTGGAATTG CTGATGCAGT AGTCCACTCT AGAGTACGAC CAAGGCCATC CCAGTTATCT	1260
	CCAGTTGCTT CACGTGGAGA TTTGAAGTGA CTGTATACGA TACTAACAAC AAGGAATAAG	1320
	AATCCGATTG CCATTAATAA TGCACCGATA GTTGAAATTA AGTTTAATAA GAACCAACCA	1380
10	TCTGATGGCA TATAAGTGTA TAAACGACGT GGCATACCAT CTAATCCAAG AATGAATTGT	1440
	GGTAAGAAAC AAACGTTAAA TCCGATCATG AAGAACCAGA AGCACCATTT GTTTAATGTT	1500
15	TCGTTTAATT TGTAACCCAT CATCTTTGGA TACCAGAAGA TTAAACCAGC TAAGCAGGCA	1560
	AATACAACAC CAGTAACCAA TGTATAGTGG AAGTGAGCTA CTAAGAAGTA CGTATTGTGA	1620
	TATTGATAGT CAGCTGATGC CATTGCTAAC ATTACACCCG TAACACCACC TAAAAGGAAG	1680
20	TTAGGGATAA ATGCTAATGA GAATAGCATT GGTGACTCAA ATGTAATACG TCCTTTATAT	1740
	AATGTTAATA ACCAGTTAAA CAATTTTACA CCAGTTGGAA TACCAATCAG CATTGTTGAA	1800
	ATTGAGAAGA ATGAGTTGAT TAACGCACCA TTACCCATTG TGAAGAAATG GTGAACCCAA	1860
25	ACTAAGAAAC TAAGGAACGC GATACCGGCA GTTGCCCATTA CCATACTTTG ATGTCCGAAT	1920
	AAACGCTTAC GAGCGAATGT CGGGATAATT TCTGAGTAAA TACCAAATGC TGGAAGGATA	1980
	ACGATATAAA CTTCAGGGTG CCCCCATACC CAGAAGAAGT TAGCCCAAAG CATTGGCATA	2040
30	CCGCCATGTG CAACTGTGAA GAATGCTGTG TCAAATATTC TATCAGTTGT CATTAAATGCT	2100
	AACGCTACTG TTAAAGGAGG GAAAGCAAGA ATAACAATTA ATGTAGTAAT AAATGTTGTT	2160
35	ACTGTAAACA TTGGCATTG CATAAACTTC ATAGTTGGTG TTTTACATCT TAAAATTGTT	2220
	ACAAAGAAGT TGATACCTGT AGCTAAGGTA CCAAGCCCTG AAATTTGTAT AGCTATTAAG	2280
	TAATAGTTAA CACCCGGACC AGGACTGAAT TCACCTGCTA GTGGCGCATA GTTTGTCCAA	2340
40	CCAGCTGCTG GTGAACCACC AATAATAAAT GACAGGTTGA ATAAATCAT ACCTGCAAAG	2400
	AATAGCCAGA AACTTACGTT GTTTAATACT GGGAATGCAA CATCACGTGC TCCAATTTGT	2460
	AATGGAACAA CGATATTCCA TAAACCAAAG ATAAATGGCA TTGCCATGAA GATAATCATG	2520
45	ATTACACCAT GTGTACTAAA AATTTTCGTTA TAGTGGTTAG ATTCTAAAAA TTTGTTATCA	2580
	GGTACTGTTA ATTGCGCACG AATAAGTAAC GCATCAATAC CACCACGGAC GAACATTAAT	2640
	ACGGCACAGA TTAAATACAT AATACCGATT TTCTTATGGT CTACAGATGT GAACCATTCT	2700
50	TTGTAAAGAT ATTTCCATAA TTAAAGTAA GTAATTACTG CGATTAAACC AATAACTAAG	2760
	AATGGGGCAC CAATTTGTGC CATTGTAATC ATCAGTTAC CTTTAACTAG TAATTGATCC	2820

55

TTGAAATTTT CTTCAATTTCT TTCGCATTTT TCGATTCATC TTTCTTGAAC TCATTGTTAT 2940  
 ATGGTTCGTC ATTTCCAAGA ATCATCAACT TCATACCATG TCGTTTATAG TTCGCATTTG 3000  
 5 TAATTTGAGC TTTACGAGCA GGTATTAATG GTTGTCTGA TACATCTTTA AACATATTTT 3060  
 CTTCACTAGT GAAGTTTGGG TCTTTCAATT CGAAATTGAA ACGTTTATAT GCATAGAAGA 3120  
 TGTATTCTGG ATCGGCTGCT GGATCAACAA ACGCCATATG TGTACCATTA AATTCTAAAG 3180  
 10 CTTTATTAGG TGTGCTTGGT AATAATTGTT TATCAAATGT ATCTTGATCT AACGTTTTCT 3240  
 TACCTTTAAC TTCTTTCACC CATTTGTCGT AGTCTTTTGT ACTAACGGCA TTTACTTTAA 3300  
 ATGTTTGACG TGAGAATCCT TCACCATTTGA AGTTAGAGTT ACGACCTCTG AACGTACCAG 3360  
 15 TTTGAGATGC TTCTAACGTC CAATTCATTG TCATGCCAGT CATGGCATAT TTTTGACCAC 3420  
 CTAATTGTGG AATCCAGAAA CTTGTCATTG TATCCATAGC TTGAAGCTTA AATACAACAG 3480  
 GACGATCTTT AGGGATTGTT AATGTATTAA CAGTCTCTAT ATGTTTCATCT GGATAAGCAA 3540  
 20 AGAACCATTT GTATCCTGCA CTTACTGCAT ATACAACCAT TGGATCTTTC TCACTCTTCG 3600  
 GTGGTTTTTC GTAATCGTAT AAAGTTTTAA CTGTAGGAAT AGCTAAAGCA GCAACGATTA 3660  
 TGATAGGTAT TACAAACCAT ATTGTTTCAA TGATGGCATT ATGGTGCATC TTACCAGATT 3720  
 25 CGGCATTCTT ATTATAACTA TACTTGTAAG TAAAAATGGC GAACATGCCA AGTACAACGA 3780  
 AACAAATAAC AAGCATGAAG ACGATTGAAT AAAGAATCAA GAACTTCTGA CTACTTGCTA 3840  
 CTGGCCCTTT TCGGTTGAAA ATTTCTATAT TTGAACAACC ACTAAGTAAA ATTAGTGTGC 3900  
 CAAATAATAG AAGCAAAGAC TTAAATTTTG ACACTTTTTT GACCTCCTAA TACTACAAAT 3960  
 GTAGGGCTTA ACATTAATTT TAAGTTATTA CACAATATTT ACAAGGGCTT ATGGGAAAAA 4020  
 35 AATTAATAAA ATTGTATCAA AAATGTTGAT AAATCAAGGT GTGACGTGGG TTCACACATT 4080  
 TGTTAAAATT ATGTGTACAT TTTGTGACTA ATAGCGTTTT T 4121

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 316:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 9310 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 316:

50 CGAGTGAGTA CAAACATATT TTTATTTGCA AGGGGTAAAT GGCATATAAC TATCTTTTTT 60  
 ATGTAAGCTG GTATAAAATT TATACTAATA GGAGGGATAG TATGAATATA GTAGGGCATC 120

55

## EP 0 786 519 A2

	TTGGATTACG	ATTAGTTGAA	AAGTCGGTTA	ATCAAGACAA	TCCTTCAATG	TATCATTGT	240
	TTTATGGGGA	CGAAgTAGGT	ACAGCCGGAA	CAATTTTAAG	CTTTTTTGAA	ATTCCCAATG	300
5	CGGGTCATAA	GCAGCCAGGT	ACTGAAACGA	TTTATCGATT	TTCATTATTA	GTACCAAATC	360
	AAGCGGCACT	TCATTATTTT	GAAAAACGTC	TTGAGAATAA	TGGTATTAAG	TCTGAACGTT	420
	TGTACTATCT	TGGACAAGAA	GGTGTGTCT	TTAAAGATGA	AGACGACTTA	GAAATCATAT	480
10	TGCTTGTTAA	TGATAGTTTT	GAAGTACCAC	ATCAATGGCA	ACATAACGCT	TATAGTGAAA	540
	TACCTCAAGC	ATATCAAATT	TTAGGAATAG	GGCCAGTCGA	ATTAAGAGTT	AGAAATGCAG	600
	CGCGTACGGT	AGAATTTTTG	GAAAATGTCT	TAGGTTATCG	CAAAGAGAT	AATAAATCAT	660
15	TCGATGTGCT	GACATTAGCA	CCACAAGGTT	TATATTCGGA	TTTTGTAGTT	ATTGAGCAAC	720
	AGGGACAACG	TGAAAGACCT	GGACGAGGTT	ATATCCATCA	TATTGCAGTT	AATACACCAC	780
20	AAATGAGTGA	CTTAGATGCA	ATTTACAAGA	AATTACAACA	ACAACCACAA	AGTAATTCAG	840
	GTATAATTGA	TCGCTATTTT	TTTAAATCAT	TATACTATCG	CCATAATTCA	ATTATGTATG	900
	AATTTGCGAC	TGAAGCGCCT	GGATTTACTA	TTGATACACC	TGTTGAACAA	TTAGGAAGTC	960
25	AATTGAACTT	GCCTGACTTT	TTAGAAGCAG	AACGTGAACA	AATTGAAAGT	AAGTTACACG	1020
	AAATATAAAG	GAGAATGTTT	AATGGCCAAA	TTAGAAATGA	ATAAAAATAC	GCCTCTTGAG	1080
	TTTGGTTTGT	ATTCCTTAGG	TGATCATTTA	TTGAATCCAT	TGAAAGGTGA	AAAAGTTAGT	1140
30	TATGAGCAAC	GTATTAATGA	AATTATTGAA	GCAAGTAAAT	TAGCAGATGA	AGCAGGTATT	1200
	GATGTTTTTG	CAGTTGGTGA	AAGTCATCAG	GAGCATTTTA	CAACACAGGC	ACATACGGTT	1260
	GTGTTAGGTG	CAATTGCCCA	AGCGACAAAG	CATATTAAAG	TTTCAAGTTC	TTCAACGATT	1320
35	ATTAGTGCAC	AGATCCTGTA	AGAGTATTTG	AAGACTTCGC	GACATTAGAT	TTGATTTCTC	1380
	ATGGTAGAGC	CGAAATTGTA	GCTGGCAGAG	CATCAAGAAC	AGGTATTTTT	GACTTGTTTG	1440
	GCTATGATTT	AAAAGACTAT	GATGAATTGT	TTGAAGAAAA	ATTAGGTTTA	CTTTTAGAGT	1500
40	TAAATAAAAC	TGAGCGTATT	ACTTGGTCTG	GAAAATATCG	TCCAGAACTT	AGAAATATGA	1560
	AAATATTCCC	AAGACCAATC	GATAATATAT	TGCCAATATG	GCGTGCTGTT	GGTGGTCCAC	1620
45	CTGCAAGTGC	TATTAAAGCG	GGAAAACAAG	GTGTGCCAAT	GATGATTACA	ACCCTTGGTG	1680
	GCCCAGCAAT	GAACTTTAAA	GGTTCTATAG	ATGCTTATCG	TCAAGCGGCA	ACTGAAGCAG	1740
	GTTTCGATgc	TTCGCCTAAG	TCTTTACCAG	TAAGTACAGC	GAGTCTGTTT	TATACAGCTG	1800
50	AAACAACCTCA	GGATGCTATG	AGAGAATTTT	ATCCACATTT	GAATACAGGG	ATGTCATTTA	1860
	TTCGTGGTGT	TGGTTATCCG	AAACAGCAAT	TTGCTAATTC	GTCAGATTAT	CGAGAAGCGC	1920

55

	GTCATCAACG	TTTTATGGCA	CAGCTTGATT	TTGGCGGTGT	GCCATTTGAA	AATGTTATGA	2040
	AGAATATTGA	GTTAATTGGC	AACGACATTA	TACCGGCGAT	TAAAAAGCAT	TTATCAAAAT	2100
5	AGGAGGGGCG	TCATCATGAA	TATTGTATTA	TTGTCAGGTT	CCACAGTAGG	TTCTAAAACG	2160
	AGAATTGCTA	TGGATGATTT	AAAAAATGAA	CTAGAAGTCA	TCAATGAGGG	ACATCAAATA	2220
	GAGTTGATGG	ATTTACGAGA	ACTTGAATTA	GAATTTAGCG	TTGGAAAGAA	TTATCTAGAT	2280
10	ACTACAGGAG	ATGTATATAA	ATTAACGACG	TCGTTAATGC	AGGCTGATGT	GATTTTTTATT	2340
	GGTTTTCCAA	TTTTTCAAGC	TTCCATCCCT	GGTGCTTTGA	AAAATGTGTT	TGATCTACTT	2400
	CCAGTCAATG	CGTTTCGTGA	CAAGGTAATA	GGACTTGTAG	CGACAGCAGG	TTCTAGTAAA	2460
15	CATTATTTAA	TTCCTGAAAT	GCATTTAAAA	CCAATATTGA	GTTACATGAA	AGCACATACG	2520
	ATGCAAACGT	ATGTATTTAT	TGAAGAGAAA	GATTTTTTCAA	ATCAACAAAT	TGTCAATGAT	2580
20	GATGTTGTAT	TTCGGTAAAA	AGCGTTGGCA	CAATCCACAA	TGCGAACTGC	CAAAGTACAA	2640
	CAACAAGTGT	TTGAAGAAGA	AAACAACCAA	TACGACTTTT	AAAGTATAAA	AATAAGACGC	2700
	TCGGCACACT	AAATTTGTAA	GTGTTTGAGC	GTCTTTTCAT	ATTAECTATA	TAGCCAATGA	2760
25	ACGACGATAA	AGGCAAGTGA	TGACAAGCAT	ATTGAGGTAA	TAATGATTGT	CATAAGCGGT	2820
	TTAAGTGCGC	GATTTTTAAG	ATCTTTAAAT	GCAACATTTA	ACCCTAAAGC	AACCATGGCC	2880
	ATTAATAAGC	AAATTGTTGA	TACAGTATTT	AAAATATTTA	GCAATGCTGA	CGGAATAGTT	2940
30	ACATATGTAT	TCACTAAGGC	CATAATGACA	AATCCAATTA	AAAAGTATGG	AATGCTTATT	3000
	CGACCCTTGC	TAGATGATTC	TGATGAACGG	AAACGCATAA	TTAAAATAAG	TACGATGGTT	3060
	AATGGAATCA	GTAAGAATAC	TCTACCAAGT	TTACCAAGAA	GTGCAATTTT	AAGTGCATCA	3120
35	CTACCACCAA	AGCCACCAGC	TAAGACAACG	TGTGCAATTT	CATGAAGACT	AACACCAGAC	3180
	CAAGCGCCAT	AAACATTTGT	CGTCATTGAA	AAGATAGCGT	AGATAGCTGT	ATATATAAGT	3240
	GAAAATATCG	TACCAATCAA	TGCGATGATA	CCGATACTAA	TAGCTGTATC	CTTTTCACGT	3300
40	GATTTGAATA	TTGGAGCGAC	TGCGGCAATA	GCAGCAGCAC	CACAAACGCC	TGTGCCGACA	3360
	CCTAGTAATA	ATGCGATGTT	TTTGTACCA	TGCAACAGTT	TGTTGACAAA	GAGCATCATT	3420
45	ACAATACTGA	AAATAACGAC	ACCTACATCG	ATGGCTAATA	GTTTACTACC	TTGACCGATA	3480
	ATATCGAATA	TATTGAGTTT	AAGTCCATAT	AGGATGATTG	CAAATCTTAA	TAAATATTTA	3540
	GATGAAAACG	TAATACCTGA	GCTATATTGT	TCAGGATATC	CTCTAAAGTG	ACGATATAGA	3600
50	ATAGCGATTA	ATATCGCGAT	AGTTAATGCG	CCAACCTTAT	CTAGGATTGG	CAATTTAGCT	3660
	GCTAAAAAGC	TAAATAATGC	GACTATAAAT	GTTAGTGATA	GCCCAATCAT	AAAATGCTTA	3720

55



	ATTTTAAAT ATAAATTGG AATGAATAAT AAAGTAGTGA TTAAATTAAG TTGTGTGATA	3840
	GGAAACTTGG ACATCAATCA AAGTAATAGG CACTACAACG CTTATTGGCG GGGCCCCAAC	3900
5	AAAGAAGCTG ACGAAAAGTC agCTTGcAAT AATGTGCAAG TTGGGGATGG GCCCCAACAT	3960
	AGAGAAATTG GGTCCGTAAT TTCTACAGAC AATGCAAGTT GGCGGGGCCC CAACATAGAG	4020
	AATTTGAAA AGAAATTCTA CAAGCAATGC AAGTTGGGGA AGGACAACAA ATTTAAGATA	4080
10	CAATGCGTAA CATTAAATATG TTATTATAAT GATAATTTAC AGAATTATAT GAAAAATGAA	4140
	TGAGGATGTG ATGGTATGTT TGGAATGAAA GTGAATGAAC AAATAACATT AAAAAATTTTA	4200
	GAAGCTCATG ACACAGAAGC GCTTTTCAAT TTAGTCAATC GTTCAAGAAA TTCACTTAGG	4260
15	GAATGGTTAC CTTGGGTAGA TGCAACTGAG CAACCATCAG ATACGCGTGC ATTTATTAAA	4320
	AGAGGACTTT TGCAATTTGC TGATGGTAAT GGATTTCACT GTGGCATTG GTATGAAGGA	4380
	ACGCTAGTTG GTGTCATCGG TTTACATGAA ATTAATCACA TGCACAGAAA AACTTCATTA	4440
20	GGGTACTATT TAGATAAAGA ATTTGAGGGT CATGGGATTA TGACACAAGC AGTTGAGGCA	4500
	TTGATAAAGT ATTGTTTCGA AGAGCTTGAC TTAAACCGAA TTGAGATTAG TGCCGCAGTT	4560
	AATAATGAAA AAAGCCGGGC TATTCCTGAA AGGCTGGGAT TTAGTAGAGA AGGTATGTTA	4620
25	CGTGACAATG AATTACTAAA TGGTATTTAT TCATCGAGTT ACATCTATAG TTTATTAAAA	4680
	TCAGAATACG ACCAAAAATG ACAAATTAGA CTTACAAAAG AGTGATGACA TTTAAAATGG	4740
30	CAGCGCTCTT TTATTTAATT TTTGAAAATA AAAGGTTGTT GACAGTATTA TTTTATAACA	4800
	ATATAATGAT TTTGATAATT ATTATCAACT AGATGATGTT TATGGGAGGA TGCTTTAAAA	4860
	CAGCCGTTTT AAGTGTAATG TATTATTTTA GCGTGTAGGG AATGCGAAAA TAATATTTAT	4920
35	AAGAACACAT CTATGGGGAT AATAGAATTT CTATAATGAG GTGTCAAAAT GAAAAAGTTA	4980
	ACAACGCTAT TATTAGCATC AACGTTATTA ATTGCTGCAT GTGGGAACGA CGATAGTAAG	5040
	AAGGATGATT CAAAGACATC GAAAAAAGAT GATGGTGTTA AAGCAGAATT AAAACAAGCA	5100
40	ACAAAAGCAT ATGATAAATA TACTGATGAA CAGTTAAATG AATTTTTTAAA AGGTACAGAA	5160
	AAATTTGTTA AAGCGATTGA AAATAATGAT ATGGCCCAAG CAAAAGCGTT ATATCCAAAA	5220
45	GTTTCGTATGT ATTATGAACG CTCTGAACCA GTTGCAGAAG CATTTGGAGA TTTAGATCCT	5280
	AAAATTGATG CACGTCTTGC AGATATGAAA GAAGAGAAAA AGGAAAAAGA ATGGTCAGGA	5340
	TATCATAAGA TTGAAAAAGC ATTATACGAA GATAAGAAAA TTGATGATGT GACTAAAAAA	5400
50	GATGCACAAC AATTATTGAA AGATGCAAAA GAATTGCATG CCAAAGCTGA TACATTAGAT	5460
	ATCACACCAA AATTAATGTT ACAAGGTTCT GTTGACCTAT TAAATGAAGT TGCAACTTCT	5520

55

	GTTGAAGGCG CACAAAAAAT TTATGACTTA TTAAACCTA TTTTAGAGAA AAAAGATAAA	5640
	AAATTAAGTG ATGATATCCA AATGAACTTC GATAAAGTGA ATCAATTATT GGATAAATAT	5700
5	AAAGATAACA ACGGCGGTTA TGAGTCATTT GAAAAAGTAT CGAAGAAAGA CCGTAAAGCA	5760
	TTTGCGGATG CTGTTAATGC ATTAGGAGAG CCACTAAGTA AAATGGCTGT GATTACTGAA	5820
	TGACAAATTA TGAACAAGTT AACGATAGTA CGCAATTTTC AAGACGTACA TTTTGAAAA	5880
10	TGTTAGGTAT TGGCGGTGCC GGTGTTGCAA TTGGCGCAAG TGGTGTGGT AGCATGTGGT	5940
	CTTTCAAATC AATGTTCAAT ACACCAGAAG ATCCGGAAAA AGATGCGTAT GAATTTTATG	6000
	GTAAAGTGCA ACCAGGCATT ACCACACCCA CGCAAAAAAC ATGCAATTTTC GTTGCCTTAG	6060
15	ATTTGAAGTC AAAAGATAGA GATGCAATTA AGGCAATGTT TAAAAAGTGG ACGGTTATGG	6120
	CTGATCGTAT GATGGATGGT GATACAGTTG GCAAGCCGAG TAACAATCCT TTAATGCCAC	6180
	CAGTAGATAC CCGTGAATCG ATAGGATTAG GTGCAAGCAA GTTAACGATT ACCTTTGGGA	6240
20	TTAGTAAGTC TTTGATGAAG AAAATTGGGT TATCTAGTAA AATTCCCGAT GCCTTTAAAG	6300
	ATTTACCGCA TTTTCCGAAT GATCAGTTAA TAGACGATTA CAGCGATGGT GATATTATGA	6360
25	TTCAAGCATG CTCAAATGAT TCGCAAGTAT CCTTTCATGC GGTTCATAAT TTAGTTCGTC	6420
	CATTTGAGA TATTGTTAAG GTACGTTGGG CGCAATCTGG TTTTATCTCT GCTAAAGGTA	6480
	AGGAAACACC TAGAAATTTA ATGGCATTTA AAGATGGAAC AATTAATCCT AGGAAGAATA	6540
30	ATCAACTTAA AGATTATGTG TTTATTGATG ACGGATGGGC GAAACATGGA ACTTATTGCG	6600
	TTGTCAGACG TATTCAAATA CACATTGAAA CGTGGGATCG TACTGCGCTG GAAGAACAAG	6660
	AGGCTACATT TGGTCGGAAA CGACATAGTG GTGCACCGTT AACAGGTGGG AAAGAGTTTG	6720
35	ATGAAATTGA CTTAAAAGCG AAAGATAGTC ATGGCGAGTA TATTATTGAT AAAGATGCCC	6780
	ATACGAGGCT AGCGAAAGAA GCAAATACGT CAATTTTACG TAGAGCCTTT AATTATGTGG	6840
	ATGGTACGGA TGACCGCACA GGTAACFTCG AAACAGGCTT ACTTTTTATT GCTTTTCAA	6900
40	AAGCGACAAA ACAATTTATC GATATACAAA ATAATTTAGG TAGTAATGAT AAATTAAATG	6960
	AATATATTAC ACATAGAGGT TCTGCTTCAT TTTTAGTATT ACCAGGTGTT AGTAAGGGAG	7020
45	GATACCTTGG TGAAACATTA TTTGACTAAA TTTGTAGCAA TGCTAATAAC TGCTGCTATG	7080
	GTGTGTAGCT TTGGGTTACT GAAAAGTCAG GCAGCAGAAC AACAAAGTAT TAGTGATGTA	7140
	TATAGTGTGA TAACGGATGC GAAATCTGCA CTTTCTAATA ATTCGATATC GAATGACAAT	7200
50	AAGCAGAAAG CAATTGAGCA AGTGGTAAGT GCAGTTAAGA AATTATCGCT TGAAGATAAT	7260
	AGTGAAAGTA ATGCTGTCAA ATCAGATGTG AGAAAGCTTG AAGATGCAAA AGCGAATGAT	7320

55

## EP 0 786 519 A2

	GCTAGTAAAG ATGCGGGTTC TAAAATTAAA CTATTGCAAC AGCAAGTCGA TGCTAAAGAT	7440
	GCTGCGATGA CAAAAGCGAT TAAAGATAAA AATAAGCGG AATTAGAATC TTTGAACAAT	7500
5	AGTTTGAATC AGATTGAC AAGTAATGAA ACAGTGATTC GCAATTATGA CGCAAATCAA	7560
	TATGGACAAA TTGAAGTCGC ATTATTACAA CTTAGAATTG CAATTCATAA GTCACCATTA	7620
	GATACGGCAA AAGTGTGACA TGCTTGGACA ACTTTTAAAT CAAATATTGA TCATGTCGAT	7680
10	AAAAAAGTA ATACGTCTGC AAATGATCAA TACCATGTAT CACAATTAAA TGATGCGTTA	7740
	GAGAAGGCGA TTAAAGCTAT CGACGACAAT CAATTGTCGG ATGCTGcaTg TGCGCTTACA	7800
	CATTTTATAG AAACCTGGCC GTATGTTGAA GGTCAAATTC AAATAAAGA CGGTGCTTTG	7860
15	TATACGAAAA TTGAAGATAA AATACCATAT TATCAAAGTG TATTAGACGA ACATAATAAA	7920
	GCACATGTGA AAGATGGTTT AGTAGATTTA AATAACCAAA TTAAAGAGGT TGTGCGCCAT	7980
	AGTTATAGCT TCGTCGATGT GATGATTATC TTTTACGTG AAGGGCTAGA AGTGTTGTTA	8040
20	ATTGTAATGA CATTGACTAC CATGACGCGT AATGTAAAAG ATAAGAAAGG GACTGCAAGT	8100
	GTGATTGGTG GTGCAATTGC CGGACTTGTA CTGAGTATTA TCTTAGCAAT TACGTTTGTA	8160
	GAAACTTTAG GGAATAGTGG CATTCTTCGT GAAAGTATGG AAGCGGGATT AGGTATCGTT	8220
25	GCGGTCATAT TAATGTTTAT CGTTGGTGTT TGGATGCACA AACGTTCAAA TGCAAAACGT	8280
	TGGAATGACA TGATTAAAAA TATGTATGCT AATGCGATTA GTAATGGTAA TTTGGTATTG	8340
30	TTAGCGACGA TTGGTTTAAT ATCTGTGTTG CGTGAAGGTG TCGAGGTTAT CATTTTCTAT	8400
	ATGGGGATGA TAGGTGAGCT AGCGACCAAA GATTTTATTA TTGGTATTGC TTTAGCTATC	8460
	GTTATTTTAA TCATCTTTGC ATTATTATTT AGATTTATAG TTAAATTAAT ACCTATTTTC	8520
35	TATATATTTA GAGTGTGTC GATCTTTATT TTTATTATGG GATTCAAAAT GCTTGGCGTA	8580
	AGTATTCAAA AGTTACAATT ATTAGGTGCG ATGCCAAGAC ATGTTATTGA AGGATTCCCA	8640
	ACGATTAAC TGGTGGGCTT TTATCCAAGT TATGAACCAT TGATAGCACA AGGTGCTTAT	8700
40	ATTATGGTAG TTGCTATCTT AATCTTTAAA TTTAAAAAAT AAAAAACAGG CCGAGTGCCT	8760
	GTTTTTTTTG TTGCTATATT GGAAATATTC GGTATTGCAG TATAACGATA ATCACAGCAT	8820
	TGATTCGTAT AAGGTTAATG TGTTGGCGGT TTGCCTCGGC ATGTGAACTT AACGATGAAC	8880
45	ATACTGAACT CAAAGAGCAA TATGAGTGGC AATGTGAGTA ATATATTTAA TGTTAAATCG	8940
	GGTGGTGCAA TGATACTTGC TAATACAAAG CAAGCGAAAT AAATATATTT ACGrTAATGT	9000
50	TTCAATGATG TGGTATCTAT AAGACCGAAT TTTGCAAGAC CCATAAATAA TATTGCTAAT	9060
	TGAAATAGAA GACCAAATGT GAATAACCAA CGTATGAGTT CAATCAAATA TGCTTTAAAG	9120

55

GGAAAGCCAA CATAAAATGC AAAAGCGACG CCAGCACAGA ATAATAACAC GCTGAAAAAA 9240  
 CTATATTTAT AAATAAATTG ACGTTCATTA TTATGTAATC CAGGTGCAAT GAATGCCCAC 9300  
 5 AATTGATAAA 9310

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 317:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3458 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 317:

ATTAGTATTA CACACTAATG TAAATAGATT GGTGGAGAA GAGATATTTG CTAATAAGTG 60  
 CCTTGCTAAT AATGATGTTT AAATTATGAA TTCAATAAAA AAATTAATTG AAGCTGAGTT 120  
 20 ATTAACAACG ACTAATGATT TTGAAGTTAG TATATATAAA AAGACAAGAC CTGAATTACA 180  
 AAGTATTTTA AAAAGTTTTG GTATAAAAAC AACAGGTAAT AACCTGACT TAATTAAACG 240  
 TATTGACGAC AATTTTCATA TTATTAATAA CTTAGATTTA CCATATGTAT ATATACCAAT 300  
 25 TAAGAAAGGA GAAGAAATTT TAAAGAAAAC AGAGTACTTA ACCTCTTTTA TACAAAGTTA 360  
 TGGTGAAATT TCTCTTGAGC GTGCTTATTA TTTGGTTGAA AACTATATAG ATGAAAATTG 420  
 CGATGATAAA GTTGCAGAAA TATACAAGTT TGAATTTCAA AGAAAATATG ACAATGGCGA 480  
 GTTTGATTTT AATCATGGAT ATAATTTCTGA ATTGAATATG TTGATAGATC ACTATAAAAG 540  
 AGATGTAAAA GACTACGATA ATGCCAGAAA GTATTCAAAT ATTTATCTTT ACTTTGGTTT 600  
 35 GAGAGATTTT TTAATAAAAT TAATGAGTAA TTATTCATAT TACGATAGTA AAGGGAATAT 660  
 AGATTTGAAC GAAATACAAA ACGATCTGAA TAGATTTATC AACTCTAGCG CTTCTGGTAT 720  
 GTACGAGCGA TTAATATATA ATGAAAATTT ATCCAATAAT ATTATGTTTG AATTATTTAA 780  
 40 AAAGGACACA CAAGATTATA GTGATTTGGA AGAACAATTG ATTGAAAAGT TCATAAACTA 840  
 TGTAGTGTCT AATGTAAAAA AAGAAAGTAG GAGTAATACT CTTATAGAGT TATCAAAAAT 900  
 TTTAGAGAAC GGATATACAA TTGATAAAGA AGAATTTAAA AAAGAAGATG ATTATCTTTC 960  
 45 TAAGTACATA TTTACTGACA TAGATTATTT GAAAAAGTTA GAATCAAAA TAAACGTTGC 1020  
 TATTGATATT CGAAGTGGAG AAATTCATTT GGTATTAGAT GATGATAGCC TTGATATATT 1080  
 50 AATACAAAAT CAAAAATACG GCAATGAGTT TTGAGTCATA ACTAAATATA ATATGTTGAA 1140  
 GAGAGGTTTT ATTTAAATGG CTAAATTTGG TTATGATCGT GTATCAACGA AAGATTAATA 1200

## EP 0 786 519 A2

	AACGTACAGA GCTTGTTAAG TGTTTAGATT ATTTACGAGA GAGCGACACA TTAGTTGTCT	1320
	ATCAACTTGA TCGGTTAGGT AGAACGACAA AACTATTaAT TGAATTaTCA CAATGATTCTG	1380
5	ATGATAACGG AATTGACTTA CAAATTAGTA ACATGAACAT TTCAACGAAA GACACAATGG	1440
	GCAAAATGTT TTTTACGATG ATGAGTGCAT TTTTCaGGAT TAGAAGTTAA TTTACTATGT	1500
	GAGTGTATAA AATAGACTTA GCAGCAACAA GAGCGAGAGG CCGAAAAAGC GGGCGCCCCCT	1560
10	CTTTACCAGA GAATAAAAAA TGAGAAATTA AATTTTATA TGATGAACAA ACGATAACAG	1620
	GGGAAGAAAT AGCTAGTTAG ACAAGGGTAT GTCACTCAAC TGTTTATCGA GTTGATTAAAG	1680
	AAATGAAAAA ACTTATACTA TGAATTACTG TTTAAAAGTG TGCATGTTAT AATATTTATT	1740
15	GAGCAAGTTG GATAGATGGT GGCTAATCTC TTAATAAAGG GGTGATGCCT ATGGTTATAG	1800
	TTGTTACTCC TAGnAAAGGA CTAGCATGTC TGATTTTGAA ATGCTTATGG TTGTATTAAAC	1860
20	AATCATTGGT TTAGTATTGA TTAGTACTCA AGACCATAAA AAATAaCCTT CTATTCGCTT	1920
	TGACCGGCAT TTTTGAAGGC TATTTTAAA TAAATATAA GGTCACCGTC TTTTAAACGG	1980
	GCTCATTAGG GTAACATGTT TCCGAGTGTT GCCCTTTTGT TGTTTCAAGA GTTAATGATT	2040
25	TTCATCTTTT GCTTCTACTT GCTACAAATA TATTTTAAAC CATTTTCTT ATGAATTGTA	2100
	GTTCTGAACA TAATCAGAAT TAATAAAACC AACTTTCCAT ACAGCAGAAA ATACAATTAA	2160
	AAGTATAGAA TGTAATCAGG AATTATATAA AAAGTATTGG AGACCTCTTC ATATATAGAT	2220
30	AATTCACTTA GTTATTTTAG AAAGAAGCCC CTAaCAACTA AAGTTGAAAA ATAGAGGAAC	2280
	ACAGTTgGAT TACGCATCAA CTGCATaAGg CCCCTAAmAA CTAAAGTTGT AAGGGGcyCT	2340
	AAAATTTATT TTGGTTGATT GTCTTCTGGT TTATCTGAAG TCATTGTTTT TGTTGTATTA	2400
35	TCATTTAATG AATCTTGTC TTTTCTGTT TTTGTTTCAA CAGATGTTGT CACTTTATCA	2460
	TTTTCTACTT TTGTATTTTT TGGTTCAGTG ACAACTTTTT TATTCTTGTC AGCTGTTTTT	2520
	ACTTTATCTT TAGTAATTTT TTGACCACGT TTTAAGTAAT ATTGAACGAT ACCCATTAAC	2580
40	ATGATTGCAT GAATAACAAC GAATAAAATA ATTGTCATTA CTGTATAAAC TCTTATGATA	2640
	TTTTCTGCAA CACTTTGAGA GAGTGATTGC GTATTAAATG AAATCAAGTA ACCAACAGGT	2700
45	GTTTTAAATA AAATAATAAT TAAGTTTAAT AATAGTATTC CAATGAAAAA TTTGAAAAAT	2760
	GTTTTTTGAC CATTTTTCAT TGCTTTAAAT CCATTAGCTA AGTGTGTTTT TACTTTATCG	2820
	TTAGTTGATT CaACGAACT AGTCaTAAAG TTGAAAATAG GTATTAAcAA TAACCAAGTA	2880
50	ATAATTGCTT TAATCAATAA AACAACAATG ATTATGATGC TTTGAGTTGT AATAGCAATA	2940
	CCAATCAGGT GTGTACTATC TGCATATGAT GATTGTACTG AATTCATAAT CATTTCTGAT	3000

55



ATAGATACAA GACCGATCAG AACGCTCTTT AAATAATTAC CTTTTTTAAA TGCAATAAAT 3120  
 AAATCGGTAA ATTTTACTTT TTCATGACTC ATTGCTCGTT TCATAACATT TGTAATTCCG 3180  
 5 ATAAAAATTT GAACTAAAAC AAACAGTGAA ACTACAGCTG CTATAAGTAA TACAGCGATA 3240  
 ACTTTTAAAT ATGCATCTAC TGGTGGTTTT TGCCCAAATT GTGAATAAAT TGCAATAGTT 3300  
 TGTGCATACT TAGCAAGCTG GAAATTAGCA AGTAAATATA CAACTGCAAT TACAGCAAAT 3360  
 10 GCTATAAGTG CATATATCAA TGTTATTAAT AATTGTGGTT TAGCATTTTT AAATGCTGAT 3420  
 TTAAAGTAAG TAAACAAAGT GGTGCCTCCT TTTCTTCA 3458

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 318:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 695 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 318:

25 GCTTGCAAGA TGCTTTCATT AAAGACAAAG TCATCGATAT TATGAATATG TTCCAAAATC 60  
 ACACTGATAT CACTTATACG TTGAATAAGT CTCATGCACA TATTATATGT ACGCCAGAA 120  
 TATTTGCTAA ATTGTTACAT ACGATTGCAA CTAGAAATAT CGACATTCTA TCTGCCAATT 180  
 30 ATAGATCGTC ATCTATGAGC AAAGCTCGTA TATCATAATA AAAGACACAT CTATACGATG 240  
 ATCATTTACA ATGATTGCGT ATAGTGATGT GTCITTTTTT GTATTATTTA TCTTCGGACG 300  
 ATTGATCCTC AACCATTGTG TCAAATGCTT CACGAACTTG TGGTACTGTC ATACCTACTA 360  
 35 CAACTTGGAT ACTCTTACCA CTCTTTACTA ATCCGTGTGC CATTTGTTGA TCGGTGAAAT 420  
 ATTCCGTATC TGCAACTTTA CTTTCATCAT AAACAGTTAA GCGTAATCTT GTTGTACAGT 480  
 TAGTAACATC TTTGATATTT TCTTTGCCGC CTAAACCGTC GAGGTAATAT GCAGCTTTGT 540  
 40 CTTCGTATTC ATTACCAGAT GAAGCACGTT TAGAATCTAC GCTATCACCT TTTTATTTT 600  
 TGTAATCTTG CTTAGAAAAT AATTAACTT CCTCTTCTGT TTYCTTACGT CCAGGTAATG 660  
 45 GAATATCAAA TTYCAAAATT AAGAATCTGA ATAAG 695

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 319:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 875 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 319:

AATATTGaTa TTATATATAG TCGAATCaAT GATGACCCaC ATCGACCCtAA TGCAAATAAT 60  
 5 AAGACAATCA AGCAGTTAAA TGACTTGTAT TGCTCGCGGA ATTTAAGATA TAATGAAATC 120  
 GCATTCAAGA AATTTGATAG TCATTTGCTA TCAATTCAG AAATATATTA TGAATTGCTA 180  
 AATTTAATAA AAGCGAGTGA TCAGTATTAG AGAGAATAGA GCGTTAAGAC TCTATCGCCG 240  
 10 AAGtGCAAGT AATTTATTAC GAAACTCTCA GGcAAAAGGr TAATACTGTA ACGCGTTCCT 300  
 GAATTGGTGA TTTATAAACA GGGTAGCGAT TGCTATCCTG TTTTATAAT TTTAAGGGGG 360  
 TATTTCAATG TCAAGTGATT TAAACAAAC ACCTTTATAT CAAAATTATG TTGATAGAGG 420  
 15 TGCAAAAATT GTGGAATTCG GAGGATGGGC GATGCCTGTT CAATTTTCAA GTATTAAAGA 480  
 GGAGCATAAT GCTGTTTCGAT ACGAAATTGG CCTGTTTGAT GTTAGTCATA TGGGTGAAAT 540  
 20 TGAAGTAACA GGTAAAGATG CTAGTCAGTT TGTGCAATAT TTATTATCAA ATGATACTGA 600  
 TAATTTAACT ACTTCAAAG CATTATATAC TGCTTTATGT AATGAAGAAG GCGGTATTAT 660  
 TGATGATTTA GTAATATATA AATTAGCTGA CGACAATTAT TTATTAGTTG TTAATGCTGC 720  
 25 TAATACTGAA AAAGATTTTA ATTGGATTTT AAAACACAAA GAGAAATTTG ATGTTGAAGT 780  
 ACAAATGTA TCAAACCAAT ATGGTCAATT AGCAATACAA GGACCAAAG CtAGAGATTT 840  
 AATTAATCAA TTAGTTGATG AAGAkGTAAC TGAAA 875

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 320:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 5897 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 35 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 320:

TCTTTTACG AAGGCTACCG TTTAGGATCT GATAACTTAA CTGTAGGAGA AATTGTATTT 60  
 AATACAGCGA TGACAGGTTA TCAAGAACT ATTTAGATC CATCATATAC AGGTCAGATC 120  
 45 ATTACTTTTA CGTATCCATT AATCGGTAAT TATGGTATCA ATAGAGACGA TTTTGAATCA 180  
 TTAGTACCTA CATTAAACGG TATTGTAGTG AAAGAAGCGA GTGCGCATCC AAGTAATTTT 240  
 AGACAGCAAA AGACACTTCA TGACGTTTTA GAATTGCATC AAATTCCAGG GATTGCAGGT 300  
 50 GTTGATACAA GAAGTATTAC GCGTAAAATT CGACAACACG GTGTGTTAAA AGCTGGTTTT 360  
 ACTGATCGAA AAGAAGATAT TGATCAACTT GTCAAACATT TACAACAAGT AGAATTACCT 420

	AGTGTCGTAC TTGTAGACTT TGGTAAGAAG CAAAATATTG TTCGAGAATT AAACGTCAGA	540
	GGTTGTAACG TCACAGTTGT ACCATATACA ACTACTGCCG AAGAAATTTT AGCAATGGCT	600
5	CCAGATGGCG TTATGCTATC AAACGGACCA GGTAATCCTG AAGTTGTAGA ATGTGCGATT	660
	CCAATGATTC AAGGAATTTT AGGGAAAATT CCGTTCTTTG GTATCTGTCT AGGACATCAA	720
	CTTTTTGCAT TATCTCAAGG AGCAAGCTCA TTTAAAATGA AGTTTGGTCA TCGTGGTGCG	780
10	AACCATCCAG TTAAAAATTT AGAGACTGGA AAAGTTGATA TTACGAGTCA AAACCATGGA	840
	TATGCAATAG ATATAGATTC GTTAAAAAGT ACTGATTTAG AAGTTACTCA TCTTGCAATTA	900
	AATGATGGTA CTGTAGAAGG TTTAAAACAT AAAACATTAC CAGCATT TTC TGTTC AATAC	960
15	CATCCTGAAG CAAATCCAGG ACCGTCAGAT TCAAACATC TATTTGATGA TTTTGTAGCA	1020
	ATGATGACTA ATTTTAAGGA AAAGGAGCGT CATATCAATG CCTAACGTA ATGATATCAA	1080
20	AACAATTTTA GTAATAGGGT CTGGGCCAAT TATCATAGGT CAAGCAGCTG AATTTGATTA	1140
	TGCTGGAACA CAAGCATGTC TAGCTTTAAA AGAAGAGGGA TATCGAGTTA TTCTTGTA	1200
	TTCAAATCCA GCGACAATCA TGA CTGATAA GGAAATTGCG GATAAAGTAT ATATCGAAC	1260
25	GTAACTCAT GATTTTATAG CGCGAATTAT ACGTAAAGAG CAACCTGACG CTTTACTTCC	1320
	AACTTTAGGT GGTCAAACAG GTTTAAACAT GGCGATTCAA CTACACGAAA GTGGTGTGCT	1380
	TCAAGATAAT AACGTCCAAT TATTAGGAAC TGAGCTAACA TCAATTCAAC AAGCAGAAGA	1440
30	CCGTGAAATG TTTAGAACAT TAATGAATGA TTTAAACGTT CCTGTACCAG AGAGTGACAT	1500
	TGTAAATACA GTAGAGCAAG CCTTTAAATT CAAAGAGCAA GTGGGATACC CGCTAATTGT	1560
	TAGACCGGCA TTTACGATGG GTGGTACCGG AGCGGTATT TGT CATAATG ATGAAGAATT	1620
35	ACATGAAATC GTCTCAAATG GTCTTCATTA TAGTCCAGCA ACGCAATGTT TATTAGAAAA	1680
	ATCTATCGCA GGTTTTAAAG AAATCGAATA CGAGTAATgC GTGaTAAAA CGATAATGCC	1740
40	ATCGTTGTAT GTAACATGGA AAATATTGAT CCAGTTGGTA TTCATACAGG CGATTCAATT	1800
	GTTGTGGCTC CTAGTCAAAC ATTATCAGAT GTTGAGTATC AAATGTTACG TGATGTTTCA	1860
	TTAAAAGTTA TTCGAGCTTT AGGTATCGAA GGTGGTTGTA ATGTTCAATT AGCATTAGAT	1920
45	CCCCATTCAT TCGATTATTA TATTATAGAA GTAAATCCGC GTGTATCACG TTCATCAGCG	1980
	TTAgCTTCAA AAGCAACAGG ATATCCTATT GCAAAATTAG CTGCTAAAAT CGCGGTTGGT	2040
	CTAACATTAG ATGAAATGTT AAATCCAATT ACAGGAACAT CTTATGCAGC GTTTGAACCA	2100
50	ACTTTAGACT ATGTGATTTT AAAAATACCA AGATTTCTT TTGATAAATT TGAAAAAGGA	2160
	GAACGAGAGC TTGGCACACA AATGAAAGCA ACAGGTGAAG TTATGGCCAT TGGTCGAACT	2220

55

	TTACCAAATG GTGAAAGCTT CGATCTTGAT TATATTAAAG AACGTATTTT ACACCAAGAT	2340
	GATGAACGAT TATTTTTCAT CGGCGAACAA TTAGAAGAGG CACAACATTA GAAGAAATTC	2400
5	ATAATATGAC TCAGATTGAT TACTTCTTCT TACACAAGTT CCAAAACATT ATTGATATTG	2460
	AGCATCAATT AAAAGAGCAT CAAGGTGATT TAGAATATCT TAAATATGCA AAAGATTATG	2520
	GATTTAGTGA TAAACAATA GCGCATCGCT TTAATATGAC GGAAGAAGAA GTATATCAAT	2580
10	TGCGTATGGA AAATGATATT AAACCTGTTT ACAAGATGGT TGATACTTGC GCAGCTGAAT	2640
	TTGAATCTTC AACACCATAT TATTATGGTA CATACGAAAC TGAAAATGAA TCCATAGTTA	2700
	CTGACAAAGA AAAAATCTTA GTATTAGGCT CTGGACCAAT TCGAATCGGC CAAGGTGTAG	2760
15	AATTTGACTA TCGGACAGTT CACGCCGTTT GGGCAATTCA AAAAGCAGGG TACGAAGCGA	2820
	TAATTGTGAA TAACAATCCA GAAACAGTTT CAACAGACTT CTCAATTTCT GACAAATTAT	2880
20	ACTTTGAACC TTAACTGAA GAAGATGTGA TGAATATCAT TAATTTAGAA AAACCTAAAG	2940
	GTGTCGTTGT ACAATTTGGA GGACAAACAG CGATTAATTT AGCAGACAAA TTGGCTAAAC	3000
	ATGGTGTTAA AATACTTGGT ACTTCACTAG AAAATCTAAA TCGTGCTGAA GATAGAAAAG	3060
25	AATTTGAAGC ACTATTAAGA AAAATTAACG TGCCACAGCC ACAAGGGAAA ACAGCTACAT	3120
	CACCTGAGGA AGCATTAGCG AATGCTGCAG AAATCGGATA TCCGGTTGTA GTAAGACCTT	3180
	CTTATGTATT AGGTGGTCGC GCAATGGAAA TTGTAGACAA TGACAAAGAG TTAGAAAAC	3240
30	ATATGACCCA GGCTGTAAAA GCGAGTCCGG AACATCCGGT ACTAGTCGAT AGATATTTAA	3300
	CTGGTAAAGA AATTGAAGTT GATGCGATTT GTGATGGAGA AACGGTCATT ATTCCAGGAA	3360
	TCATGGAACA TATTGAACGT GCTGGTGTGC ATAGTGGTGA CTCAATCGCT GTATATCCAC	3420
35	CACAACTTTT GACAGAAGAC GAGTTAGCAA CACTTGAGGA CTATACTATA AAATTAGCTA	3480
	AAGGTTTAAA CATCATTGGC TTAATCAACA TTCAATTCGT TATAGCTCAC GATGGTGTGT	3540
40	ATGTTTTAGA AGTAAATCCA CGTTCTAGTA GAACGGTACC ATTCTTAAGT AAAATTACTG	3600
	ATATTCCAAT GGCACAATTA GCTATGCGAG CAATCATTGG GGAAAACTA ACAGATATGG	3660
	GTTATCAAGA AGGGGTTCAA CCATATGCTG AGGGTGTCTT TGTGAAAGCA CCAGTATTTA	3720
45	GTTTTAATAA ATTGAAAAAT GTTGATATTA CTTTAGGACC TGAAATGAAG TCAACAGGTG	3780
	AAGTGATGGG GAAAGATACT ACATTAGAAA AGGCGTTATT CAAAGGGTTA ACAGGTAGTG	3840
	GCGTTGAAGT TAAAGATCAC GGTACAGTAT TAATGACCGT CAGTGACAAA GATAAAGAGG	3900
50	AAGTTGTTAA ATTGGCACAA CGCTTAAATG AAGTTGGCTA TAAAATTTTA GCAACGTCTG	3960
	GAACAGCTAA TAAATTAGCT GAGTATGACA TACCTGCAGA AGTAGTAGGC AAAATTGGTG	4020

55

	TGACTAAAGG TAAAGAAGTA GAAAGGGATG GCTTCCAAAT TAGACGTACT ACAGTTGAAA	4140
	ATGGTATTCC ATGTTTGACA TCTTTAGATA CAGCTAATGC CTTAACGAAT GTAATTGAAA	4200
5	GTATGACATT TACAATGCGT CAAATGTAAA TCAATCAAAC TGTATCGGTG GGGCTGTAAT	4260
	TAACCATTTA CTTAAAGAAG TTTATATTAC AGCCTCATT TTTAATGAA TTTCTTAATA	4320
	TAAAGGGAGA CaTATATGAT GAAAGATTTA CCAATTATTG CATTAGATTT TGAATCAAAA	4380
10	GAAAAAGTAA ATCAATTTTT AGATTATTT GATGAATCAT TATTCGTAAA AGTAGGTATG	4440
	GAACTTTTTT ATCAAGAAGG TCCTCAATTA ATTAATGAGA TAAAAGAAAG AGGCCATGAT	4500
	GTATTTTTAG ATTTAAACT GCATGATATT CCTAATACAG TTGGTAAGGC GATGGAAGGA	4560
15	CTAGCTAAAT TGAATGTTGA TCTGGTAAAT GTTCATGCTG CTGGTGGCGT AAAAATGATG	4620
	TCTGAGGCCA TTAAAGGATT AAGAAAACAT AATCAAGATA CAAAATTAT TGCAGTAACA	4680
20	CAGCTTACGT CAACAACAGA AGACATGTTA CGACACGAAC AAAATATACA AACATCGATT	4740
	GAAGAGGCCG TTTTAAATTA TGCCAAGTTA GCAAATGCAG CTGGTTTAGA TGGCGTTGTT	4800
	TGTTACCTC TTGAAAGTCG TATGTTGACT GAAAAGTTAG GTACATCATT TTTAAAAGTA	4860
25	ACACCAGGTA TTAGACCTAA AGGTGCATCT CAAATGACC AACACCGTAT TACGACACCG	4920
	GAAGAAGCAA GACAGCTTGG TTCGACGCAT ATTGTAGTCG GTAGACCGAT TACACAAAGT	4980
	GACAATCCAG TCGAAAGTTA TCATAAAATT AAAGAAAGTT GGTAGTATA ATGGCTAAAG	5040
30	AAATTGCAA ATCATTATTA GATATTGAAG CTGTAACATT ATCACCAAAT GATTTATATA	5100
	CATGGAGTTC AGGTATTAAA TCACCGATTT ACTGTGATAA CCGTGTACG TTAGGTTATC	5160
	CTTTAGTTCT AGGCGCAATC CGCGATGGTT TAATTAAGTT AATTAAAGAA CACTTTCCTG	5220
35	AAGTAGAAGT TATTTCTGGT ACTGCAACAG CTGnTATTCC ACATGCAGCT TTTATTGCTG	5280
	AAAAATTAAA ATTACCAATG AATTATGTTC GTTCATCAA TAAGAGTCAT GGTAAGCAA	5340
40	ATCAAATCGA AGGTGCTAAA AGTGAAGGTA AAAAAGTAGT TGTGATAGAA GATTTAATTT	5400
	CGACAGGGG ATCTTCAGTC ACAGCAGTTG AAGCCTTAAA ACTAGCAGGT GCAGAAGTAT	5460
	TAGGTGTTGT AGCTATCTTT ACTTACGGTT TGAAAAAAGC AGATGATACA TTTAGCAATA	5520
45	TTCAACTACC TTTTACACT TTAAGTGATT ACAATGAATT AATTGAAGTA GCTGAmAmTG	5580
	AAGGTAAAAT TTCTAGTGAA GATATCCAA CATTAGTTGA ATGGAGAGAC AACTTAGCAT	5640
	AATATAGACA CTAGAAGGAG GAATTCAACA AATGAATGAC AAAACATCTA ATGATTTATA	5700
50	TGGGAAGATA AACATTGTA ACGAATTTAT CAATCATTCA AATGATTCCA ATCTATCTAG	5760
	TAGTCACGAT GTCGACGAAA GTTCAACGAA GCAAAAACAT ATAAAAATA AAACAACTAT	5820

55



TTAAAAACAA AAAAGCT

5897

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 321:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 7965 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 321:

5	TCATTCTAAA TCAACTTATT TTCCATTGCA TAAATTGCTG CTTGTGTACG ATCGCTAACT	60
10	TGTAATTTAC TAAATATATG ACTGACATGT GTTTTAATTG TTTTTCAGA TACAAATAAA	120
15	TTTTCTGCAA TCTCTTTATT TGTTTTACCT TTAACCATTT CACGTAACAC TTCAATTTCT	180
20	CTCTTTGACA ACTTATTCGT GTAGTGTGGT TTTGGCTAA CTGTTTCGAA TACATCTTGT	240
25	GCCTTAGGAT GTATCATTTT TTCACCGTTC ATAACCTGTC TAATAGTTTC AATTAATTGC	300
30	TGAGGCTCAA CGTCTTTCAT TTCATAACCA TCAGCACCTT TATTGATTGC TGAAATTACA	360
35	TGTTTCATCAT CAACATAACT TGTTAATACC AAAACTTTAA TATCCGGATA ATGTGCCTTA	420
40	ATATATTCCG TAATTTCAAT ACCATTTCATG CCAGGCATCA CTAAATCTAA TAGCACAATA	480
45	TCAGGGTGCT CATGCTCTTT TAAATATTCT AAAAATGTTT CTCCATCTGC AAAGTCTTGT	540
50	AAAACTTCTA TGTTTTCAaT CGTGGaTAAT AAAAATCGCA ATCCTTGtCG CACAATATAA	600
55	KGGWCATCTA CTAATATnAC TTTGTTTCATG GGTATCTCC TTAAAtCAAG CTATTTTATA	660
60	GGAATTGTGA ATTGTATTG TGTACCCTTT GTTGGCTGAG AATGAAAGGT CACTTTACCT	720
65	CTTAATAATT TAACTCTTG TTTTATGTTA TTAATACCGT GTGATGAAGC TATCTGAACA	780
70	TTATCGATCT CAAATCCTTG ACCATAATCA ATCACGTCAA TATATAGTAT ATCGTTCATT	840
75	TGTTTTAATG TAAGATCCAT TTTATTCGTA TCAGCATGTT TCTTAACATT ATTAATACAC	900
80	TCTTGTAATG CTCTGTATAT GTTTTCTTCG ATTTTCATTAG ATAAATCGAT TAAACCTTCT	960
85	ACATTTACAT TTAATTGTAT ATGCATTAAT TTAATATATG CTGTCAAAGC ATGAATTAAA	1020
90	CCTTGCTCAA GTCCAACCTGG CTTAAGTnGC CAAATCAATG CACGCATTTT ATTAACGGCA	1080
95	TTTTGACTCG TtCCTCAAT CGTCTTGAAT GCTTGTTTAG CGATGGATTC GTTTGACATG	1140
100	CCATACGCAG CATGTGctGT TAGTTTTACA GAAAATAACA TTTGATTTAC TGAATCATGT	1200
105	AAATCTCTAG CTAAACGATT ACGTTCATTA ATTTTGGCCG CTTCTTTTTT ACGGTCTGTT	1260
110	AAATAAATAC GTTTGATGGC TGACCCTAAT TGAAATGCGA CAGACTCTAG CAACTCTAAA	1320

	TGACCCGATT TAAGTGGTAC CGTTGCATGA TGTGTAATAT TGTCATTTTG GCTAGGAAAT	1440
	GCTTTAGAGG CTAAGTTAAT ACGAGAACAA TTGACGATAT TCGACGCTTT CATTAGCCTA	1500
5	CGTTGATTAA ATGCTTTCAC ACACCAACAA GACCCATCTT TAATATAGTG ACAGTGGTCT	1560
	GCTGTCAAAG ATTGTGGTAG AGCCACATGT GATACAAGTT CATG TTCACC TACGCTATTG	1620
	ATGAAAAATA TCCAGCCTGT CGTGAAATTA CTGCCCTCAA TTAAATATTT TAACGCACCT	1680
10	TGGGTCATGC TATACATTTT TGTTCCTTCG TTTAAAAATT CGGCAATCTC TTTTAATAAA	1740
	GCTAGTCGCG TCCTTTGTTC CATCAAATCG CTCCAATTCA TTTTACGTG TATTA ACTAT	1800
	TATACATTGA GTTATTATAT TTTTAAATCT TAGACGTAAA CATGATAAAA TGGCCTTGAT	1860
15	TACTCAATAG TTATATTTTCG GAGAACTGAT TTGTGATATG ATATTAAAGA CTATAGGAGG	1920
	ATTTTATGAA ATTTAAAATA CCAGAAACT TTAATGACTT AAGTTTACGA GATATTTTCC	1980
20	AACAACTTAA GGTACCTAAA AAAGATTTAC ATCATTTAAA TATGTCTAAA GATATTACTA	2040
	TTAATGATAA ACCTGCGCGA TTAATGGATA AAGTGCATAC TGGCGACGAT GTATTTGTTC	2100
	CAACCATCGA TGAAAAAAGT AATTATGTTC CAAGTTATCG TTATGCACAA ATTAAATACG	2160
25	AAGACGATGA TATGGCAATC GTAATGAAAC CTAAAGGTGT TAAGACTCAC CCTAATGATT	2220
	TAAAAGAAAG CAATACTTTA ATGAATCATG TGATTTACAC TATTGATAGT GACTATGTCG	2280
	AACCAATTCA TCGACTGGAC CAGGAAACAG TAGGATTATT AATTGTTGCT AAAAATCCTT	2340
30	TAATGAAAAA AATTCTTGAT CGCATGTTAG AAGACAATGA TATTACGCGG ATATACAAAG	2400
	CAAATGTAA GGCACTTTTA CCTTTAAAC CACAAACGAT TGATATGCCA ATTGGTAAAG	2460
	ATAAATTCCA TTCGAATAAA CGACGTGTGT CTCCTACTGG ACAGCGTGCA ATTACACACA	2520
35	TTTTAACTTC AAAAATGATA AAAGAAGCTG TGTGCCmACT TGAAATCAAG TTGGATACTG	2580
	GACGTACTCA TCAAATwCGT GTGCATTTAG CTGAAATTGG TCACCCTGTT ATTGGTGATC	2640
40	CTTTATATGG TGATTCAACG TTAAGACAAT TAGAACTTGA AAGTTACAAA ATAGAGTTTG	2700
	TGcATCCCTT GACTAAGGAA GTCATTTCCG TTTCTTTGGA TGAATAATT GATTAGTTTT	2760
	GCATGATATT tAAACATGCA ATACCGCATT GTA ACTAAAT CAAGTATCAA CtTAAAcGGA	2820
45	TAGATGGAAA ATTATTAATT TTTTCAGATG TTCGGTTTTT TTGTTTTTTA CGATGCTTAG	2880
	GATTTTATAT TTTGATATTT TAGTAATTAT TCATTTTATA ACATCCTTGG ATAATGACTT	2940
	GTAGTCTTTT TCAACTGCGT TACGTGTATC TATGGACAAT ACATGACATC ATAAGATTTT	3000
50	TATCACAGGT TGT TTGGCCA ATACATGTAC AACAAATTCAT CATATAAAAA ATAGGTTCTA	3060
	TAATAAAACG GACTCCATGA AAAGTTTTTC CTTTTCATGG CTCTATATCA AATCAGACTT	3120

55

	CCAAACTTTA	TTTATATTA	ATATTTAATT	AATGAGGATC	TACCATATCT	TCTGGTTTAA	3240
	TCCATGCTTC	AAATTGTTCT	TCTGTAACAT	ATCCAGTTTG	AAFTGCAGAT	TCTTTTAAAG	3300
5	TTAAACCTTC	TTTATGGGCT	TTCTTAGCAA	TTTGAGCTGC	TTTTTCATAA	CCAATATGTG	3360
	GATTTAATGC	AGTAACTAAC	ATTAATGATT	GATTTAAATA	ATTATCAATA	TTCTCTTCGA	3420
	TTGGTTCAAT	GCCCCACTGCA	CAATTGTTAT	TAAATGTTTC	CATACCATCA	GCTAAAAGAT	3480
10	AAATTGATTG	TAGTGTATTA	TGCATAATAA	CTGGTTTATA	AACATTCAAT	TCAAAGTTAC	3540
	CTTGTGAACT	TGCGAACCAA	CAACTGTATC	ATTACCCATT	ACTTGGACTG	CAACCATTGT	3600
	TAACATTTCA	CATTGTGTAG	GATTAACTTT	ACCAGGCATA	ATTGATGAAC	CTGGTTCATT	3660
15	TTCAGGGATA	GAAATTTCTG	CCAAACCAGC	TCGTGGCCCT	GAAGCCAACC	ATCTCACATC	3720
	ATTAGCAATT	TTCATTAAGT	CTCCTGCTAA	TGCCTTCAAT	GTTCCATGCA	ATTGAACAAC	3780
20	TTCATCATGC	GCTGTAAGTG	CGTGGAAATTT	ATTTTCAGAA	GATACAAATG	GATAACCCGT	3840
	ATTTTCTGAA	ATATAATGTG	CCACTTTATC	ACCAAATTCA	GGATGCGCAT	TAATACCAGT	3900
	ACCAACAGCC	GTACCACCGA	TGGCAAGATT	TAAAATGTGC	TTCTTAGATT	CAGATAACAT	3960
25	TGTTTCACAA	CGGTCAAGCA	TATAACGCCA	GCCACTAATC	TCTTGTCCTA	GTTTGATCGG	4020
	CGTTGCATCT	TGTAAATGTG	TACGACCAAT	TTTAATAATT	GAATCAAATT	TATCTTCTkT	4080
	TTCTTTCAAA	GATTTTCTTA	AAAGTTTTTAA	TGCAGGTTCT	AATTTTGTTT	CAACCTCTTG	4140
30	ATATAATGCA	ACGTGCATAG	CAGTTGGGaa	TGTATCaTTC	GaACTTTGAG	ATTyATTTAC	4200
	ATCATCATTk	GGGTGGATAC	TTTCATCACT	TTGATGATCT	TTTAAATACA	TATTAGCAAC	4260
	ATAACTTACT	ACTTCGTTCA	CATTCATATT	ACTTTGTGTA	CCGCTTCCTG	TTTGCCATAC	4320
35	AACTAGTGGG	AAGTGTTTCA	CTAATTCACC	TGATAAAATT	TGATCACATG	CGTATACAAT	4380
	GGCATCTTTC	TTTGCCCTCGC	TTAATTTTCC	TAAATCAAAA	TTAGCTATTG	CTGCTGCACG	4440
40	CTTTAGTTGT	GCAAAACCAT	AACTACTTC	GATTGGCATA	CGCTCTTTAC	CAACTGGGAA	4500
	ATTACGTTTA	CTTCTTTCTG	TTTGAGCACC	CCAATATTTA	TCTGCAGGTA	CTTCTATTTT	4560
	TCCAAAAGTA	TCATGTTCAA	TTCTTACTGA	CATTCAATTT	CTCCCCTTAT	CACTGTTTAT	4620
45	TTAACTGTAG	TATATCATTa	AATAATTTAA	TTGAGCAATT	TATGATTAAA	ACGTTTTTCAT	4680
	AATTTGAAAT	AAAAATACAC	TAATCGCACG	TGTTCAACCCT	TTATTACAGT	GATACGGTCA	4740
	TACGATTAGT	GTGTTATCTA	TCATTATTTA	GTTATTATTG	AACTAAGTTT	AATTACGATA	4800
50	CTTTGTTTTA	GTAGCTTCAA	CCGcAGCAAT	AGCTGTAAGT	ATATATAATA	CAGCACTAAC	4860
	AATTGTCGTA	TATGGATTTA	GAGCAACAAG	CGTaCCTAAA	ACTCCTGTTA	AACTCGCATA	4920

55

	TACAATACCT GATTGATTAC TTTTAATGAA TGTTTGCGCA TTAACATCAT CAATTAATCC	5040
	TTTTGATAAA TTGAGTTGTA ATTTTATTAC TTTGAAAATA ACAGGTAAAT ATAATGCCCC	5100
5	AATTGCCAAT GGAAAAGCTT TAATTGATAT TAAACTTATA ATAAGTGTG CTATCAATAA	5160
	TTGAATCCAG TATTTTCCTA ACATAAATAT ATAAATCTCC TCTAATTTCA TTCTTCAATA	5220
10	GCATATCATA ATCTTGGCAT ATTAAGAAAC GCGGTTTAAT GATTTTCAATA AAAATATTAC	5280
	TGATAGATGA CTTCTTTCAA TTATGTCTGG AGTAATTAAT TATCAATTCC GTTTAAATGG	5340
	TGTTTTAATA TTAAAAATTG AACTTTTGAT ATATTACTAT GTCTGGTACA CAAATCAATG	5400
15	TTTTATGCTT TACAAAGTTA TATTGGCAGT AGTTGACTGC AGTCCACAAC ATAGAGGCTT	5460
	CGGAATGTCA GCTTCTATTT CATGCAAGTT GGTGGAGCTC CAACATAGTG GAATTGGATT	5520
	CCCAATTTCT ACAGACATTG CAAATTGGGG AAACGGGCCA CAACTCAGA AACTGGTGGA	5580
20	AAGTCAGCTT AAAATAACAT GCAAGTTGGC GAGGCCCCAA AATAGTGAGA TCGGATTTCT	5640
	AATTTCTACA GACATTGCAA ATTAGGGAAA CGGGCCACAA ACTCAGAAGT TGGTGGAAG	5700
	TCAGCTTAAA ATAACATGCA AGTTGGCGGG GCCACAACAT AGAAAAATTG GATCCTCAAT	5760
25	TTCTACAAAC AATGTAAGTT GGGGAAACAG CCCCAACACT GAACTAGCA GAAAGTCAGC	5820
	TTCTATGAAT ATAATAAAAA AGCTAGGTAA CAAATGCTA CCTAACTTCA TATTCAAGAT	5880
	AATCAATCCT ATTTGATATA TGTTCTATAC TATACATTAT TTACATGATA AATAACTGAA	5940
30	TATTACACAA TTATAATACT TTAGTACTG TCTTCTTCAG AATTCTTTTC TTGATCATTT	6000
	TGATCAGAGA TTTGTTCCaT TTCTTTACCT AATTCTTTTA AATCTTCAAA ATCCGTTACC	6060
	ATACTGTTTT CTTCTTCATG ATAATTTAAT TTTGGATCTT TGTCTTTAGA CATAATCAAT	6120
35	ACCTCACAGA TTTTAAATTA AGCAAAGCGT GACGTAAAGT AAGCTTTAAC ATCTTCAGGT	6180
	AAACCTGCAG CCGCTTCTTT ATCAAGAATA ACATTTACCA TTCTATGTGC TTTTAAATCG	6240
40	GCTGGTTCGA AGCTTGTTTT ACCATTTTCT TGATATAATT TTTCAACTAC ATCTCGTTTA	6300
	TTAGCACCTG TCACTACTAA GAAATTTCT CTTGCTTCCA TTAGTCCTTG ACGAATACTA	6360
	ACATTTAACT TACCTTGCTC ATCGATAGAA ACAACTTGTA ATGTTAATTT CCCTTTATTT	6420
45	TCTTTAGTTT TAATCTTATC AGCGATTAAAT TCGATTGCAT CTTTTTCATA AGCAATTGGA	6480
	TAAACTTGAC CTGCTGGTAC ACCTAACGCT TCGAAATATG ATTTTTTATC GTCATAATCT	6540
	AAAATATTTA TTTGGCTAAA ATCAACAGCA TGTTTTTCAA CATTTTTCTT TAATTCATCT	6600
50	AGAACTGGCG CTTGATCTGT ATCTAAATGA AAACCTGCAA TTGTAGTAGG ATTATTGTTA	6660
	AATTGCTTTC TAATAATATC AGCAGCATAT TCTGCTACAA GTTGACTATT GTCAAAGACT	6720

55

GATATTAATA ATTATTATAC CCTAACTTTC AATATATCAA ACCATTTAAC TTAAACATGC 6840  
 TTATACTCTA AATATAGCAC TTAAGCATCA TTTTATAAT GAAAATGAGT AAATTTTAAT 6900  
 5 TCAATCCCGG TAAATCTTGT TGACGTAACG CTTCATAAAT TAACAACGCA GCAGTATTTG 6960  
 ATAAATTTAA TGAACGAATA TGTTCACTCA TAGGAATTCT TAACGCTGTG TCTTGATATT 7020  
 TCTCTTTCAC CCAGTCTGGT AATCCTGTG TTTCTTTTCC AAAAATGAAG TAAAAATCTT 7080  
 10 TGTCATGATT TGAAAAATCA AAATCACTAT AAGTCTTTTT ACCAAATTTT GTTAATAAGT 7140  
 AATACTCGCC ATTTGTGACT TCAAAAAATG CTTCAATACT ATCATGATAC GTAATATTCA 7200  
 CAAATTCCCA ATAATCTAAA CCGGCTCTTT TTAACATTTT ATCATCAGTT CTAAATCCAA 7260  
 15 GAGGTTTAAT TAAATGTAAA TGTGTGTTTG TACCTGCACA CGTACGCAA TGTTACCAGT 7320  
 ATTAGCTGGG ATTTCTGGT GATATAAAAC GATATGATTT GTCATATTAC TATTCTCTCC 7380  
 20 TTGTGTCTAA TCCTTTTATC ATTTCACTCT GAACCTCTGC ATCCTCTTGA TCATAATTAG 7440  
 CATTGATAAA ATCTCTTGCT TCTTCCCAA GAATTTGACC AATGGCCCAA TAAGCAGTTG 7500  
 CTCGAATCAA CGGTCTTTCA TCTGTTGTTG CAACTTTTTT CAATTCTGGA ATTGCATCCA 7560  
 25 CTTCAATAAA ATGCGCCAAT GCTAAAATAG CATTTCGTTG TATCGGCTTT TTACCACGCC 7620  
 AAGCACCTGC AAGGTGACCA TATGTTTGTT TGAATCTTT ATTAGACATA CGTAGLAAAG 7680  
 GTACTAATCT TGGCTTTAAA ATTTCTGGT CCAAATGAT GTCATCTTGT TCGGTATTAA 7740  
 30 TACCTCTATT TTTCGGACAA ACTTGTTGAC ACGTATCGCA ACCATATAAT CTATTCCCAA 7800  
 TTTTATAACG ATATTGGTCA GGCATATAGC CTTTGTGTTG CGTTAAAAAA CTAATGCATT 7860  
 TCTGACTATT TAATTGGCCA TTTCCAATA ATGCACTTGT TGGACAACGA TCAACACAAA 7920  
 35 TTGTACAATG CACCACAGCT ATCTAATAAT GGATCATCAG GTTCC 7965

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 322:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1302 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 322:

GCCCTGTTGG AGAAATCACC TTTATACGAT GGTGAAAAA GCATCATTAG GTACAATCGT 60  
 50 GGCAATTATA GTTATTTTGC TGTTTTTAAG AACATTCGT ACGACGGCAA TTTCTATTAT 120  
 ATCGATTCCG TTATCACTTC TTATGGCGCT TATTGCTCTG AAATTGAGTG ATGTTTCATT 180



TGTAGTTGTT GAAAATATTT ATCGACGCTT AACAGATTCA GAAGAACAAC TAAAAGGTGA 300  
 AAATTTAATT ATCAGTGC GA CAACTGAAGT ATTTAAACCA ATAATGTCAT CGACACTAGT 360  
 5 TACTATTATC GTCTTCTTAC CACTTGTGTT TGTATCAGGT TCAGTAGGCG AAATGTTTAG 420  
 ACCTTTTGCA TTGGCTATTG CATTAGTTT ATTAGCATCG TTATTAGTGT CAATTACACT 480  
 CGTTCCAGCG TTGGCAGCTA CACTATTAA AAAAGGCGTT AAACGTCGTA ATAAACAACA 540  
 10 TCAAGAAGGA TTAGGTGTTG TTAGTACAAC TTATAAAAAA GTATTACATT GGTCATTAAA 600  
 TCATAAGTGG ATTGTAATTA TATTAAGTAC ATTAATTTTG GTTGCAACTA TTGTATTTGG 660  
 AGGACCGAGA CTAGGCACTA GCTTTATTTT AGCAGGTGAC GATAAATTTT TAGCTATTAC 720  
 15 TTATACACCG AAGCCTGGTG AAACGGAGCA AGCAGTGTTG AATCATGCGA AAGATGTTGA 780  
 AAAATATTTA AACAGAAAA AGCATGTAAA AACAATTCAA TACTCAGTTG GCGGTAGTAG 840  
 20 TCCAGTAGAT CCAACGGGTA GTACAAATAG TATGGCAATC ATGGTTGAAT ATGATAATGA 900  
 CACGCCTAAT TTTGATGTAG AAGCGGATAA GGTATTAAA CATGCAGATG GCTTTAAACA 960  
 TCCTGGAGAG TGGAAAAATC AAGATTTAGG AACAGGTGCA GGTAATAAAT CTGTAGAGGT 1020  
 25 TACTGTAAAA GGTCCATCAA TGGATGCCAT AAAATCAACT GTAAAAGATA TTGAACAGAA 1080  
 AATGAAACAG GTTAAAGGAC TAGCCAATGT CAAATCTGAT TTATCGCAA CATATGATCA 1140  
 GTATGAAATT AAAGTCGATC AAAATAAAGC GGCAGAAAAT GGTATTTCTG CAAGTCAACT 1200  
 30 TGCAATGCAC TTGAATGAAA ACTTACCAGA AAAACAGTT ACGACTGTTA AAGAAAATGG 1260  
 TAAACTGTT GATGTTAAAG TCAACAAAA TAAGCAAACA GC 1302

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 323:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1003 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear  
 40

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 323:

45 ATATATATTA ATTTAAACGT GTTTCACATG TACCAGTGTT AATGACAGAT AATGCTGCGT 60  
 TTAAACCACC TTCAACAAGG TTTTGTACTG CTTTCATCAGA GAAGAAAGCA ATATGTGGTG 120  
 TTACTAAAAT TCTTTCATGT TCGATTAACCT CTAATAATGT TTTATCGTCA ATGTCTTTAT 180  
 50 TAGTCCAGTC ATTTGTGAAG TATGCTGCTT CATTTCATA AGTATCAATC GCAGCACCTA 240  
 ACAAAGTACC ATCGTTCCT GCAGCGATTA AATCAGGTGT ATTGATGACT GCACCACGTG 300

55

GATAGCTTTC TTTGTTTCGCT GGAACATGTA AAGAAATAAT ATCGGCATCT TTAATAGCTT 420  
 CTTTAACACT ATCTTTATAA GTTAAAAAGT CTAAATCTTT ATTAGGATAG GCGTCATAAG 480  
 5 CTGTAATTGT AGCACCAAAT CCTGCATATA TtTTAGCTGT AGCAGCACCG ATACGACCCG 540  
 TACCAATAAT TGCAACAGTC ATATTTTAA CTGGTTTAGA CATGATTTCT GCTTGCCAAG 600  
 TAAATCATG TGCTTGTA CA CGGCGTTCAA TATCTGGGAA GCGACGCACT AATTGTAGGG 660  
 10 CGATAGArAC AGAATACTCT GCAATtGTTT CAGGTGAATA ACTAGGAACG TTAGATATCA 720  
 CAATATTGTG TTTTTTAGCT AAATCTAAAT CATACATATC AAATCCAGCA GTACGTTGTG 780  
 CAATTTGTTT AATACCGTAA GATTCTAATT TAGGATAAAC GTCATTTTCT AACTTACCAA 840  
 ATTGCATTGT AGTTACGCCA TCGTAATCTT TTAATTGAtC GACTGTAGCA CTTGATAATA 900  
 GCTCTTTAGA AGTAGTTACT TCGACATTAT TCTtTtTCCC CCAATTTAAT GCCATCTCTT 960  
 20 TCTCATAATC ACGCGTaCCA AAGAACATAA TTCTCGTCAT TAT 1003

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 324:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5030 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 324:

GGCTTTTATA GTGTTTACGA TTATTATGAT TACTTATATT CACGCTGTTA AAAATTATCC 60  
 35 AAATAACCGT ACTGTTTATT ATGGTTATAC AGCTGCATTT ATACTTGTTA TATTACAAGT 120  
 TATCACAGGT GCATTATCTA TTATGACAAA TGTTAACCTG ATAATCGCAC TTTTCCATGC 180  
 ATTATTTATC ACTTATTTAT TTGGTATGAC AACATACTTT ATCATGCTAA TGTTACGATC 240  
 40 AGTAAGAAGT GACArGCAAT AACaAAAAAG cmAACCGTAA TTTTAATGGC ACGCCCATTA 300  
 AAATTACGGT nTTTTATATC AATATTTAAA AtTAAACctA AGCCATGTAA AAACGAGATT 360  
 ACACGTCAAT TGTGTGTAA TCTCGTTTTA TnTTAATCAT TTTAGTCAGT TGCTTTTTCA 420  
 45 ATTTGATTA ATAAATCGCC TGTCGCTATT GTGTCACCAT TATTTACAGT TACTTGTTTA 480  
 ATCACACCGT CAAATGGTGC TTGAATTGTT GTTTCCATTT TCATAGCTTC AGTAATTAGC 540  
 50 AACGGCTGAT TAGCTTTCAC AGTTTCACCT AACTAACCT TGACTTCAGT TACTGAACCT 600  
 GGCATTTGAG CACCGATATG ACTTGGATTA CTCTTATCTG CTTTGGCTT AACGTTGCA 660  
 TTTGTATGCA CATTTTCATC TTTAATGTAA ATACGTCTCG CTTGACCATT CATCGCATAG 720

	CGTTTACCTT TATCGATTTC GATTTCTACT GTTTCACCAT TACGCATTCC AAAGAAGAAT	840
	GTAGGCGTAT CAAGTAACGA TAAGTTTCCG TATTGATTTC TAGTTTGAAT ATATTGTTCA	900
5	TATACTTTTG GATATAGTAC ATAAC TAATA ATATCTTGCT CCGTAACAGG ACCTTGTTGC	960
	TCTTCTTCAA GCAACTCACG GACTTTTTCA AAATCAACTG GCTCTAGATA TTCACCTGGA	1020
	CGAGCTGTTA GTGCTTCTTG GCCTTTTAAA ATAACCGCTT GTAAATCTTT ATTAAAACCA	1080
10	TTTACAGGTT GTCCTATTTC ACCTTTGAAG AACGACACTA CTGATTCTGG GAAATCTAAT	1140
	TTATAGCCAT CTGTAATCAC GGATTGTTCA TCAAGATCAT TTTGTACCAT ATAAAGTGCC	1200
15	ATATCACCAA CTACTTTAGA CGATGGTGTT ACTTTTACGA TATCACCAA TAAGAAATTC	1260
	ACTCTGCGAT ACATATCTTT GACTTCATCA AATCTTTCCG CTAAACCTAA ACTTTTAGCT	1320
	TGTTGACTTA AATTCGAATA CTGTCCACCA GGCATTTTCA GTTGATAAAT TTCAGTATTC	1380
20	GGTGATTGTA TATCACTTTc AAAGTCTGAA TAATAAGTAC GTACAGTTGA CCAATAATGA	1440
	CTAAGTGACT CCATACCTTC AATATCAGTT CTAAGGTGGC GTGGGAAGCC ATTTAATGCA	1500
	TAATATAACG AATTGGCGCT TGGCTGACTT GTTAAACCAC TCATTGAAGC AACAGCAGTA	1560
25	TCAATGATAT CGACACCAGC ATCTATTGCT TGTTTGTATG TTAATAAACC ATTACCACTT	1620
	GATCATGAG TGTGAAGATG AATTGGTAAA TCTACAGCTG ATTTTAACTC ACCAATCAAT	1680
30	TCGTAAGCGG CTTTAGGTTT TAATAAGCCT GCCATATCTT TAATCGCTAA AATATGGAAA	1740
	CCTTCACGTT CTAACCTTTT AGCTAGTTTG ACATAATACT CTAAAGTATA AATGTTTGAT	1800
	CGCTCAGGAT TTAAAATGTC ACCTGTATAA CAAATAGTAC CTTCTGAGAT TTTGCCCGCT	1860
35	TCTTGTACTG CTTCAATTGGC AACTTTTATT TGATCTACCC AGTTTAATGA ATCGAAAATT	1920
	CTAAAGACAT CTATGCCTGC TTTAGCACTT TCTTGTACGA ATTTATGAAT AACATTATCA	1980
	GGATAGTTTT TATAACCAAC TGCCTTTGAA GCACGTAACA ACATTTGGAA TAATACATTT	2040
40	GGAATAGCTT TACGTAGACG TTCAAGTCGT TCCCATGGGT TTTCTTCAA GAAATTATAT	2100
	GCCACATCAA ATGTAGCACC GCCCCACATT TCTAGTGAGA AACCATCTTT AAATACGTCC	2160
45	GCTGTTTTTG ATGCGATATT AATCATATCC TTAGTTCTAA CTCGTGTAGC TAATAATGAT	2220
	TGGTGTGCAT CTCTAAAGGT TGTATCTGTT AGTAAGACAT CATCCTGCTT TTTAACCCAT	2280
	TCAGCTACAC CTTTTGGACC TACTTCATCA AGCAATTGTT TCGTACCACT AAATGAAGCG	2340
50	ATTTTACTTG AAGATACAGT TGGAATTGAT GCTAATTCAT AGTCTGGTTT CGGACGTTTC	2400
	TCAACATTTG GGAAACCATT AATTGTTACA TTACCTATAT ATTCTAATGT TTTAGTACCT	2460
55	CTATCTAGAG ACGGCTGAAT GTCGAAAAGT TCTGGTGTTT CTTCAATAAA TTTAGTTGTG	2520

	TTAACACCAC GAATACGCAT TTCTCGTAAT GAGCGTACCA TTTTCTTCTC TGCTTGTTTA	2640
	AATGATATCG CGTGTGTAGA TAATTTTACG AGTAATGAAT CATAATAAGG TGATATCTCA	2700
5	GCACCTTGGA AACCATCTCC AGCATCAAGA CGTACACCAA AGCCCCGCT TGAACGATAA	2760
	GCAATGATTG TTCCAGTATC CGGCATGAAA TCATTTAACG GATCTTCTGT TGTAATACGA	2820
	CATTGGATGG CATAGCCTAA TGTGTGAATA TCTTTTGTGTT GCGGCATATT AATCTCTTCA	2880
10	CCAAATAAAT CGGCACCTGC TGCAACTAAA ATTTGTGTCT TAACAATATC AATTCCTGTT	2940
	ACCATCTCTG TAATTGTATG CTCTACTTGT ACACGAGGGT TAACTTCTAT AAAGAAGAAT	3000
	TCGTCACCAG AACTAGAAA TTCAACAGTA CCTGCATTGA CATATTTAAT ATTTTCCATC	3060
15	AATTGAATTG CAGCATCACA AATACGTTGA CGTAATGTTG ATGATAATCC AACTGATGGT	3120
	GCAACTTCTA CAACTTTTTG ATGACGACGT TGTACTGAAC AATCACGTTT AAATAAGTGT	3180
20	ACGATATTTT CATGTTCTGC ACCTATGACT TGTACTTCAA TATGCTTTGG ATTATCAATG	3240
	TATCTTTCTA TGTAACTTC ACTATTACCA AATGATTTTT CAGCTTCTGA TTTTGCTCTA	3300
	TGGAAAGCAT CTTCTAATTC ACTTTCTTCA CGAACGATTC TCATACCTTT ACCGCCGCCA	3360
25	CCACTTGTGG CTTTAATCAT TAGCGGGAAA CCAGCTTCTT CTGCAAATTC TTTTGCTAAT	3420
	TCATATGATT TAATTGGACC GTCTGTACCA GGAATAACTG GTAAATCTGC CTTGATAGCC	3480
	GTTGTACGAG CTTTAACTTT ATCTCCAAAC ATATCTAAAT GTTCTAAATG AGGACCAATA	3540
30	AATTTAATTC CTTCTTCTGC ACAACGACGC GCAAATTGTT CATTTTCACT TAAAAATCCA	3600
	TAGCCAGGAT GAATCGCATC CACATTCGCT TGTTTTGCTA CATCAATGAT ACGCTCAATA	3660
35	TTTAAATAAC TTTCAGCAGG ACCTAAATCA CTTCCAACTA AATAGGATTC ATCTGCTTTA	3720
	TATCTATGTA ATGAACTTTT GTCTTCATTC GAATAAATTG CAACTGTGCT GATGTCTAAT	3780
	TCTGCCGCCG CTCTGAATAT ACGAATTGCA ATTTCTCCAC GGTAGCAAC AAGTAACTTT	3840
40	TTTATTTGTT TCAATAGCGA TACTCTCTC AACTATTAG AATTTTCTAA CTAATTAGAT	3900
	AATAAAATTT TATCTTAAAG CGCTCTGTTT TGCTATAGTt mTGTTTCmAA TTTTCAAaT	3960
	TTaACATyCT tGAGACAATT AAAaCCyCCG CTTcmGaAAT AATAATTTCA AAAATGACTA	4020
45	TGCAACAACA GGTAGTTCCA CGTTTTTGTT GTGAAACATT TTCGATTTCT ACAACTCTAA	4080
	AAAATTAAAA ATAAAATTGC AAAACATCAA CATTTATTAT CAATAGCGAT AACTTTATCT	4140
50	TATCATCATG ATTCTAATTT CGCCACCACA TTAGTAATT TTAGTCATA AAATTTAGTT	4200
	ATAATTATAC GTTGTTTTGT TTATAAAATT TGATAATCak GAGTAATCtC GTAATATCAA	4260
	AACaAAAAGG AAGTTAAGCG TTGTTTGGTT GcCTAACTTC CGTTATTGAA CTCATCcAGT	4320

55

TCTCGTACTA AATATTGGCT AGTATTTTTT TAATTAAATT GTCTTCTTAT ATCAACTTTT 4440  
 TGTGTTGTT TCTTTCGTTG CTGGTCTACT TTGATTTGTT TACCTACAAT CAGAAGTAAA 4500  
 5 CCCATAGCAA TACTTAAACT AATCATTGAT GATCCACCAA AGCTGATAAA TGGCAATGGC 4560  
 ACACCAGTTA ATGGAATTGT TGCCGAAATA CCGCCAATGT TTACAAACGT TTGACTTCCA 4620  
 AAGTATGTGG CAATCCCAAC ACACACAAGT TTATAAAAAT ATGATGATGT TTTATTTGCA 4680  
 10 AACTGGAAGG CACGATATAC AATAAAGAAC TCTAAAGTAA TAACTAGCAA TCCTCCGATT 4740  
 AAACCTAATT CTTGCAAAAT AATTGCAAAA ATAAAATCTG TATGTGGTTC TGGTAAATAG 4800  
 15 CCCAATTTC A TTGCACTATT TCCTAATCCT TTTCCAAATA CGCCACCGTT ACCTATCGCA 4860  
 AGCAATGAAT TGGAAATATG GTATCCAGTT CCTGATTGCA ATTGGAATGG ATCTGTTAGC 4920  
 GTACTAAATC TGGCAGTTAA ATAACCTGGT AACCAACCAG CCATTAATGC AATGACAAAT 4980  
 20 ACTACTAAGA ATCCTAGCAC TGCTGGTATA CCAAATCTTA GGACTTTGTT 5030

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 325:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1389 base pairs  
 25 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 325:

CTTGTTAATC CGAAAATTAT TAGTCAATCA AATGAAACAA TAACAGACTT nGAAGGTTCA 60  
 35 ATTACATTGC CAGATGTTTA CGGCGAAGTG ACAAGAAGTA AAATGATAGT TGTCGAAAGT 120  
 TATGACGTCA ATGGGAACAA AGTTG<sub>a</sub>ACTA ACTGCACATG aAGATGTAGC AAGAATGATT 180  
 TTGCATATTA TAGATCAAAT GAACGGT<sub>a</sub>TC CCTTTTACAG AACGTGCGGA CCGTATTTTA 240  
 40 ACAGATAAAG AAGTGGAGGC ATATTTTATA AATGACTAAA ATAATATTTA TGGGTACACC 300  
 AGACTTTTCA ACAACTGTTT TAGAAATGCT TATTGCAGAA CATGATGTCA TTGCAGTCGT 360  
 AACGCAACCA GATCGACCTG TTGGACGTAA ACGTGTTATG ACACCACCAC CAGTTAAAAA 420  
 45 AGTTGCAATG AAATATGATT TACCTGTATA TCAACCTGAA AAATTAAGTG GATCAGAAGA 480  
 ATTAGAACAA TTGCTTCAAT TAGATGTAGA TTTAATTGTA ACTGCTGCTT TTGGACAATT 540  
 50 ATTACCTGAA TCATTGTTGG CATTACCAAA TCTTGGGGCA ATTAATGTAC ATGCATCATT 600  
 GTTACCGAAG TATAGAGGTG GTGCACCAAT TCATCAGGCA ATTATCGATG GTGAACAAGA 660  
 AACCGGCATA ACAATTATGT ATATGGTTAA AAAATTAGAT GCGGGT<sub>a</sub>AATA TTATTTGCA 720



	ATTAGGGGCA GATTTATTAA AAGAACTTT ACCATCTATT ATAGAGGGCA CAAATGAAAG	840
	CGTACCTCAA GATGATACGC AAGCAACATT TGCTTCCAAT ATTCGACGCG AAGATGAGCG	900
5	AATTAGCTGG AATAAACCAG GAAGACAAGT GTTTAATCAA ATTCGTGGAT TATCACCATG	960
	GCCAGTTGCT TATACAACCTA TGGATGACAC TAACTTGAAA ATATACGATG CTGAACTCGT	1020
	TGAGACTAAT AAGATAAACG AGCCTGGAAC CATTATAGAA ACGACTAAAA AAGCCATTAT	1080
10	TGTTGCTACA AATGATAATG AAGCTGTTGC AATTAAAGAT ATGCAATTAG CTGGGAAAAA	1140
	GAGAATGTTA GCTGCCAATT ATTTAAGTGG TGCGCAAAAC ACACTAGTAG GGAAGAACT	1200
	TATATGATAG AAAACGTGAG AAGTCTTGCT TTTGACACGA TTCAAGATAT ATTAAATGAA	1260
15	GGTGCGTATA GTAACCTGCG TATCAATGAA GTGTTGTCAG AAAATGAATT AAATGCAATG	1320
	GATAAGGCTT TATTTACAGA AATTGTCTAC GGAACCGTTA AAAGAAAATA TACGTTAGAT	1380
20	TTTTATTTA	1389

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 326:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

25	(A) LENGTH: 2746 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 326:

	TTTGCTAATA ACAATAAAGC CAAAGCCGAT TCACACTCTA AACAGCTAGA AATTAATGTT	60
35	AAGAGTGACA AAGTACCTCA AAAAGTAAAA GATCTAGCAC AACACAATT TGCTGGTTAT	120
	GCTAAAGCAT TAGATAAACA AAGTAATGCA AAAACTGGTA AATATGAACT TGGCGAACTT	180
	TTaAAATTTA TAAATTTAAT GGTGAAGAAG ATAATAGTTA CTATTATCCA GTTATAAAAG	240
40	ACGGTAAAAT TGTTTATACT TTAACACTTA GTCCTAAAAA TAAAGATGAT TTAAACAAAT	300
	CAAAGAAGA CATGAATTAC AGTGTTAAAA TTTCAAACCTT CATCGCTAAA GATTTAGACC	360
	AAATTAAAGA TAAAnATTCA AATATCACTG TTCTTACTGA TGtAAAAGGG KTTTATTTTG	420
45	aAGAAGATGG cmAAGTTAGA TTAGTAAAAG CTACGCCTCT ACCTGGTAAT GTAAAAGAnA	480
	AAGAAAGTGC TAAAACAGTT TCAGCAAAAT TGAaACAAGA GTTaAAAAAT ACAGTAACAC	540
50	CTACTAAAGT TGAAGAAAAC GAaGCGATrC AAGAAGATCA AGTTCAATAT GAAAATACAT	600
	TAAAAAACTT CAAAATTwGA GaACAACAAT TCGATAACTC ATGGTGTGCA GGATTCAGTA	660
	TGGCAGCATT ATTAAATGCa ACTAAAAATa CAGACACTTA TAATGCACAT GATATTATGC	720

55

	AAATGATTGA ATACGGTAAA TCACAAGGCA GAGATATTCA TTATCAAGAA GGCGTACCAT	840
	CATATGAACA AGTTGATCAA CTTACAAAAG ATAATGTAGG AATTATGATC CTTGCACmAA	900
5	GTGTATCTCA AAACCCTAAT GACCCACATT TAGGACATGC GCTAGCAGTT GTTGGTAATG	960
	CTAAAATTAA TGACCAAGAA AAACCTATTT ACTGGAATCC TTGGGATACA GAATTATCAA	1020
	TCCAAGATGC AGATTCAAGC CTATTACATT TATCATTCAA TCGTGATTAT AACTGGTATG	1080
10	GTTCAATGAT AGGTTACKAA AAAGTAATAT AGATATTGAT TAAAGGCAGG TAAAACTATG	1140
	TATCAACTAC AATTTATAAA TTTAGTTTAC GACACAACCA AACTCACACA TCTAGAACAA	1200
15	ACCAATATCA ATTTATTTCAT TGGTAATTGG AGTAATCATC AATTACAAAA ATCAATTTGT	1260
	ATACGTCATG GCGATGATAC AAGTCACAAT CAATATCATA TTCTTTTTAT AGATACGGCA	1320
	CATCAACGCA TTAAATTTTC ATCTATTGAT AATGAAGAAA TCATTTATAT TCTTGATTAT	1380
20	GATGATACAC AGCATATCCT CATGCAAACG TCATCCAAAC AAGGTATTGG CACTTCGCGA	1440
	CCAATCGTTT ATGAGCGCTT AGTATAACTA ATTTAAATGA TTTCACTTCA TAAAGCGGGT	1500
	TGGCGAGAAT TCAATTTCTC ACCAGCTCGT TTTTTCATTG TAATAATAAT CTTTAACATT	1560
25	TATTCTTTCT CTATTAATTT TTCTCAAAC TCTTATCTT TATGATAATT AATTAAAATG	1620
	CCCTTTTAAA TTCTTATAAA ATAAAAAGC CACCTATCGT CGCTAATAAA CGACGCAAGT	1680
30	GACTTAATAT CATATTCAAA ATAACCTATG GGAATTTAGG GAATTGATCG AAGTCAGGAT	1740
	CACGTTTTTC TTAAACGCA TCACGGCCTT CTTTCGCTTC ATCAGTTGTG TAATAAAGCA	1800
	ATGTTGCATC CCCAGCCATT TGTGTAAAC CAGCTAAACC ATCTGTGTCA GCATTCATAG	1860
35	CTGCTTTAAG GAATCGTAAC GCTGTTGGTG AGTGTTTCAT AATCTCTTTA CACCATTGCA	1920
	CAGTTTCATC TTCAACTTTC TCTAAAGGTA CCACTGTATT TACTAGACCC ATATCTAAAG	1980
	CTTCTGTGC ATTGTATTGA CGACATAAGT ACCAAATTTT ACGTGCTTTC TTATGTCCAA	2040
40	CGATACGTGC TAAATATCCT GAACCATAAC CCGCATCAAA TGAACCTACT TTAGGACCAG	2100
	TTTGTCCAAA AATAGCATT A TCAGCAGCAA TCGTTAAGTC ACAAACAACA TTTAGTACAT	2160
45	TACCGCCACC TACAGCATAA CCTTTTACCA TCGCGATAAC CGGTTTGGGA ATAATACGAA	2220
	TTAAACGCTG TAAATCTAAT ACATTTAAGC GAGGGATTG GTCTTCACCT ACATAACCAC	2280
	CATGTCCACG TTTCTTCTGG TCACCACCAG AACAGAATGC TAAATCACCT TCACCAGTTA	2340
50	ATACGATAAC TGAAACGTTT TGATCATCAC GTGCACGTGA AAATGCGTCA ATCATTTCAG	2400
	CAACTGTTTT AGGTGTAAAC GCATTGCGTA CTTCAGGGCG ATTTATTGTT ACCTTAGCAA	2460
55	TCCCTTCGTA AAATTCATAT TTGATTTTAT CATATTCTCT AAGTGTTTCC CATTGTCTGT	2520

TCCACATGAA TTGTATGACC TGTAGCAGAA ATTAATTTAC ATTTACTATT AGGAATTAAA 2640  
 TTTGCCATTT TTTTCGCAAT CTGTACAAAT TTTTCATCAT ATTCTCCAGC TAATATTAAT 2700  
 5 GTTGGTACTT TAATTTCTnT CAGCGCGGCC ATAAGTTTGG CATTTG 2746

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 327:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 900 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 327:

TAATGTTTAG TTTATTAACA GTAAGTTCGT ATATCAATGT TTAGTGCTCC CCAAATTGA 60  
 20 AGTTTGAATT TTAAAAGCAT CTTGTAGAAT TTAGTTGTAT TTTTTTCAAA GAAATTCATT 120  
 TTGATTATTT TTGATAATGA GCATTTTAAT AGTAATACAT GTTTATAGTG TGTAGTATAT 180  
 GTCTATACTA GTAGTAACTA TATAGAGAAA GTAGGAATAA ACTATGTCAC AAGATGTAAA 240  
 25 TGAATTAAGT AAGCAACCAA CGCCAGATAA AGCAGAAGAT AACGCATTTT TCCCATCACC 300  
 ATATTCCCTT AGTCAATATA CAGCACCTAA AACAGATTTT GATGGTGTG AACACAAAGG 360  
 TGCCTATAAA GATGGTAAAT GGAAAGTATT GATGATTGCT GCTGAAGAGC GATATGTATT 420  
 30 ATTGGAAAAT GGAAAATGT TCTCTACGGG TAATCATCCT GTTGAAATGT TATTACCTTT 480  
 ACATCATTTA ATGGAAGCAG GTTTTGACGT TGATGTTGCG ACATTATCTG GTTATCCAGT 540  
 35 TAAATTAGAA TTATGGGCTA TGCCAACTGA AGACGAGGCA GTTATAAGTA CTTATAATAA 600  
 ATTGAAAGAA AAATTAAAC AGCCAAAAAA ATTAGCAGAT GTGATTAAAA ATGAATTAGG 660  
 ACCTGATTCA GACTATTTAT CTGTCTTTAT CCCAGGCGGA CATGCTGCAG TTGTTGGTAT 720  
 40 TTCTGAAAGT GAGGACGTTT AACAAACATT AGATTGGGCA TTAGACAATG ACCGCTTTAT 780  
 AGTTACATTA TGTCATGGAC CAGCAGCACT ACTTTCAGCA GGGCTTAACA GAGAAAAATC 840  
 TCCATTAGAA GGATACTCTG TTTGTGTCTt CCCTGaCTCA TTAGATGAAG GTGCAAATAT 900  
 45

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 328:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3642 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

	ATCTGAnTnG AGATAGTGAT AATGIGTCAC CcAATTTTaA AcCtTTATTT TTaAGcGtTT	60
	CaTCaGCTAA CaCtTCaTTa TCtTTAGtCG cTTTATGcCC tTCtATTAAA CtCGGaACtA	120
5	AAAATGaTGa CtTTTCAACa CCGAACaCTA AAACaTTGtC tTTTtGATGG CCaTTAGACA	180
	CAATTtCCCC TGTTTGCTTC AAAGTAGCTT GCTTCTTGTA TTTATTTTCA ATATCTTTCT	240
	TGTTAAAAAC AGATTGTTGC ACAGTTTGAT TGGCATCTTT ATTTAGAACA ATGGCATCTG	300
10	CTTGCCACTT ATCAATGCCT TCTTTATTCA TATTGATAAG ACCATTCGCC AATCCAGATA	360
	ATAAAAATAG CAAGTAACTA ATCATCGTTA ACACACCAAT AATTAGTCCA AACTTCAATT	420
15	TGTTGCGCCG TATTTcATTc CAAGCTAAAA ACATGCATTT CTCTCCCTAC TACTATGATT	480
	TAAACATTGT TTATATTCTT AGATGCACGT ACGTCGTGTT GCGCTCTGTA ATGTTATACA	540
	TACACTTATC CTTcATTATA CCCGAACTTT TTATATTAAA AGCAAATTTA TGGAAAATGC	600
20	AATTAATTGT CTATTATTTT TGTACGGTAC ATTTAAAATT AAGGATCAAT TTAAAAACGC	660
	CTACATATAC CTTTAAGTAC ATGTAGACGT CCAATTCATA TATTATTTAA CTTCGCCTGT	720
	TTTAGGATCG AATTGCTTAA TAGCATTTTT ACGTAATTTA TCTTTTGCTT TrTCACTTGC	780
25	TTTATAGTTA TTGTTGTAAA TCGTAGCTTC CCAACTACCA TACATTGGGT TAGGGAAAAT	840
	GATATATTTc TTACCGAAAT CGTCTTTATG TTTTTCaATT AATGCTTCAC GAGATTCAGC	900
30	TGTAGCTTCT TTTGGATCTG TAAAGTCTAA TAAATTATCT CCAAATAGCA TGACAAGTTT	960
	ATGATCCTTT TGAACCATTt GTCTGCGTGA TTCTTTACTC TTATCATCTT TACCTTTTAG	1020
	TAAATATGA CTCTTCTTAG CTTGAGGGAT ACCTTGTTGT TTTAAGTTCT TTTGTGTTGC	1080
35	CTTTAAATCT TTTTCTTTAT CTCTATCAGA AATATAGTAG ATATCGACAC CTTTTTTGTC	1140
	AGCATATTTc AAGAATTCTT TTGCGCCATA GACAGGTTTA GCTTTAGCAG cTTGTACCCA	1200
	TTCATGCCAA CCTTCTGGGA AAGGTTTATT ATGTATTGAT GCATAGCCTT GATATGGAGA	1260
40	ATTATCTAAA ACTGTTTCAT CTAAATCCAA AGCAATAGCT AACTTATGTT TACCTTTATT	1320
	CTTTTAAATC TCTTTATCTA ACTGTGTCTT TGCACtGTTA TAACCTTGTA AATATAATGC	1380
45	TTTTGCTTCA GCTGAATTTT GATACCAAGC CACTGCCATA ATATTTTGAT TACCAAGATT	1440
	CGCCTTTTGT GATGCTGGTA TAGAAGCTTG TTGCGTTTGT TGAACCTCAG CAGAACTTTT	1500
	GGCAAACGCT GTAGAATTTG TCGTTTGTGG TGCTGAAACT GTAACCGCTA CCGATAATGA	1560
50	TGCTATTGCA ATATACTTTG AAATTTTATT CATCTTATCA CCTCATGATT AATATTTAAA	1620
	ATACAGTTAA AATTATAAAT GCATTTATTT AATATTGCTA TACTATGAAA AGATATTTAA	1680
55	TATTATTTCT TGgAAAAGCT AACAAATATG TGAACATTTC ATATAAGCAT GATTTAATGG	1740

	GTGACTAGGC	CTTCCTATCA	GACATATTCA	CTCATCCACG	TATCATTATG	TGTACAGTGT	1860
	GCTATCTCTT	ATTTACCTAT	TGGAACAACC	ATAAACTCAT	CCATAGTTTA	CCTTTTATAA	1920
5	ATAGCAGTCC	TCACTCATAC	AATTTCTCAT	AAAAATCACA	ACGCTCCAAC	GTATTTCCAA	1980
	CTTACTTTCA	CCTATTTTAA	TTCATAAAAA	CGACACTTTA	ATTGTCATTA	TCCAATAATA	2040
	GCAAGACGTT	ATTATTGCAA	TCTTTTTTAT	AAAATAATAG	AATCATAGTA	TTGTCATTTA	2100
10	AAGATAAAGT	AAGAACGTTT	TTATTTTTC	GATTTTTTAA	ATTATTATGA	ATATCTAGTT	2160
	TTAGGAAGGA	AATTACATTG	AAAAACAAG	TTATTATTTT	GGGCCTCATG	TTATTTTCAC	2220
	TATTTTTTGG	AGCCGGAAAT	TTAATATTCC	CGCCCATGCT	TGGCCATACA	GCGGGTCAAA	2280
15	ATATGTGGAT	TGGTATGCTA	GGCTTTGCCC	TTACAGGCAT	ATnACTCCCC	TTTATTACTG	2340
	TTATTGTTGT	TGCATTTTAT	GATGAAGGTG	TTGAAAGTGT	AGGCAATCGT	ATACATCCAT	2400
20	GGTTCGGGTT	TATTTTTGCT	GTCGTGATTT	ACATGTCTAT	CGGAGCATTT	TACGGTATTC	2460
	CACGTGCTGC	AAATGTCGCG	TACGAAATTG	GTACAAGACA	CATTTTACCT	GTGCATAACC	2520
	AATGGACTTT	AATTATATTC	GCAGCAATCT	TTTTTGCCAT	CGTTTACTGG	ATTAGTTTAA	2580
25	ATCCATCGAA	AATCGTTGAT	AATTTAGGTA	AATTATTAAC	ACCGTTATTA	CTATTAATGG	2640
	TCGCTCTATT	AAGTATTGCT	GTCATTTTCA	ACCCTGAATC	TGCACTAAGT	GCACCTAAGG	2700
	ATAAATATAT	AACACATCCT	TTCATTTTCA	GAAGTTTGA	AGGCTATTTT	ACAATGGATC	2760
30	TTGTTGCTGC	GTTAGCTTTT	TCCGTAGTCA	TTGTCAATGG	CTATAAGTTT	AAAGGCCTCA	2820
	CAGATCGCAT	GAAAATTTTA	AAATATGTCT	GCTTTTTCAGG	TCTTATTGCA	GCCATATTAC	2880
35	TTGGAATGAT	TTACTTTTGA	CTTGCATACG	TTGGGGCATC	AACAGCTCCA	GGAAACTTTA	2940
	AAGATGGTAC	AGATATATTG	ACGTACAAC	CATTACGATT	ATTTGGTTTC	TTCCGGTAACC	3000
	TCGTATTTGG	AATGACGGTT	ATCCTTGCA	GCCTAACAAC	ATGTATAGGA	CTCGTCAATG	3060
40	tTGCGCCACA	TTTACTAAGA	AACACGTACC	TAAGTTTCT	TATAAAATAT	TCGCACTTAT	3120
	TTTctCTATC	ATAGGGTTCT	TATTTACAAC	ACTTGGTTTA	GAAATGATTT	TAAAAATTGC	3180
	TGTCCCATTA	TTGACTTTAA	TATATCCCGT	GTCGATTGCA	CTTGTA	CTCA	3240
45	TAACATGTTT	AGCACATTCA	GATTCAGTTG	GGCCTATCGA	CTCGCAACTG	TTATTACATT	3300
	GATTATTTCA	ATTTTACAAA	TACTAAATAG	TTTCAACTTA	TTACACGGTG	TTATTTTGAA	3360
50	ATCGTTTATG	ATGTTACCTT	TAGCAGATAT	CGATTTAGCT	TGGCTTGTAC	CATTCATGCT	3420
	CTTTGCTATT	ATCGGTTTCA	TAATCGATGT	ATTTATACGC	CGTCCGAAAC	AAGCGACAAC	3480
	TTAATAAATG	CTCACTGCCT	AGTAATGATT	GACCCATCGT	TACTAgGCTT	TTtctATATGA	3540

55



TAAAAAATCC TAGCTGTTAT TCAAAAATAT TAGTTTTTAA AA

3642

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 329:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 2187 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 329:

15	TTATTGATAT TGAAAATTCA AAAACTGCAA CACATCTTAT CACTAAAAAC CAACACTATC	60
	ATCAAACTGA CACTCATT TT GAACAGTATA AGAAATTTAT TTTAGATTCA GGTATATCAT	120
	CAACACAATT TGTATATAAT AACCTGTCTG TAAGCGGATT TAAATATACT AATGATGGTA	180
20	AGAATCCAAT TCAATTATCT GACATAGTGT ATCACTTAAT CGCATTATTA CGATATGGCG	240
	GTGGCATTAG CTATCAATTA TTAGATGACC ATTCAAATTA TATTCCTTG TACAACAAAT	300
	ATGGTAGCCC CCTACCATTA ATGCATTTAT ATAAATGTT TAGACCTTTT GTTAATGAAG	360
25	ATATTGAAAT TACAAATAAT TATGTATTGA GTCGTAAAGA TAATAACTAC CATTTCTTAT	420
	TATTCAATAA AATTAATGAT CGATATATGT CAGACGTAAA ACAAGATTTC ATTTTCCATA	480
30	ATGAATTACC TCAAGACTCT TTGATGATTA TTAAACATT GAATCATGAA CATGGTTCAA	540
	TTCAACATTT GCTTCCAATA AGCGATCAAC TTGTTTATAT AGAAAAAGAA ATTTTAGATG	600
	AATTAGACAA AACGAATTAC CCTAAAACGG AGCTTGCACT TCAAGAAGAA ACTGGTCGTA	660
35	CATTTGAACT CAAGTTAAAT CACGACGAGG TTAAATATAT TTGCTTTAAA CCAAGCTAAA	720
	TACTAACAGT CCTCTTGTGT TTAGTTTCTT ACGTTAAAGG CTATTTATAT CATAAGGAGA	780
	TGATTTGTAA TGAGTAACTC ACAAGCAATT CAAGCAATTG AAAACGTGTT AGTAACGTCA	840
40	AAAGTTGGTG TATTATCAAC TGCATATAAT AATAAACCCTA ATAGTAGATA TATGGTCTTT	900
	TATAATGATG GTCTTACTTT ATATACTAAA ACGAATATCC ATTCTGCTAA GGTCAAAGAA	960
45	ATTAAAGATA ATCCAGCAGC ATATGTTTTG TTAGGCTATA ACGACACAAC TAATCGTAGT	1020
	TTCGTTGAGA TGGAAGCGAC AATCGAAATC GTTACAGAAC AAGAAGTGAT TGATTGGCTA	1080
	TGGGAAACAC AAGACAAAAG CTTTTTCAGT TCAAAGAAG ACCCAGAGTT ATGTGTTTTA	1140
50	AGAGTAGTTC CGCAATCCAT TAAGCTAATG AATGATAAAT CATTAGATAC ACCTATCAAA	1200
	ATCGATTTAT AACACAAAGT GTATATAGGA AATAACTTTT ATGAATTCTA GATATAACAA	1260
55	TGTTAAATAC TTAAATAAC TCGCTATAAT TAAAGTGTTT AATATGTTTA CAATTCAATT	1320

TTAAATTAA TTTTATGTAA TATAAATACT GCATTGCAA ACTGTTGCAC TTTTAGGTAT 1440  
 AACAGAATTA ACTACATTTA AGGAGATTGA TGAACCATGA AAAAGAAAAA AGGTTTTTGGT 1500  
 5 CTGGGTATTA GTTTAATCGC CATCATGTTA ATTGTATGTA TTGTATTAGT AATCATGATG 1560  
 ATGACTGGCG GAAAGAAAGA TACATACTAT GGAATTATGA AAGATAATAC TACTATTGAA 1620  
 AAAATGATTA GTGAAAAAGA TGAAAGTATT GAAAAAATG TTAAATTACC TTCAGATTCA 1680  
 10 GATGTTAAAG TTA AAAAAGG TGATTTTGTA ATTGTTTATA AATTAGCAGA TTCAGATAAA 1740  
 ATTGTTAAAG TTA AAAAAGT TGACCATGAC GATGTACCAC ATGGTTTAAT GATGAAAATT 1800  
 CATGACATGG GCAAATGCA CATGAAACAC TAATTGTAAT TTAAATTACA AATTTTAGTT 1860  
 15 GCCATCAAGG TATATACGAG TAAAGCAGC GGTAAGTTGA TTTCCAATTT GGAATCATT 1920  
 TACTGCTGCT TTTTATATTT GAAATACTTT CATATTGAAT AGCTCCACTT GCCGTTGCGC 1980  
 20 TgcgCTTTGC GCATGCATAA AAGCCCCTAA CAACCTGAGG TCACTGCGCT CCGGTTGCGC 2040  
 TGcgCTTTAG CGCATGCATA AAAGCCCCTA ACAACCTGAG GTCACTACGC TTCGGTTGCG 2100  
 CTGCGCTTTA GCGCATGCAT AAAAGTCCCT AACAACCTGA GGTCACTACG CTTCCGTTGCG 2160  
 25 CCTGCGCTTT AnCATGGCCA TAAAAGC 2187

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 330:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1788 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 330:

CCnCCTTTTT AAACCTGGnG AAATGtmCAG tTTTGATGGt ATTGGGtTCT TTAGTATTAT 60  
 40 GCTTAAGATA GAGTGTAATA CGCTCCTGTT GTTCTTTATA GTATATTGCT TTTTGTTTTT 120  
 CTTTTTCGTC ATATTTCACT TTAAATAAA TGACTGATGC AACTATACAT ATACATAAAA 180  
 TGACACCAAT AATTATAAAA ACATGTTTTT TGTTCAATTA AGTAACTCCT AAAATGTGGT 240  
 45 GGAAAATGAA AAAATTTTTA TAATCTATAA TTATGAACAT TACAGATTAT AAACCATAAC 300  
 ACTAACATCG TCGCCTTCAT TAACTTGATT GTTAAAATCA GCAATTACTG AGAATTGTAC 360  
 50 AAGGAATAAT TGCCTATTAT GCCCTCATGT AATTATTGCC TTACTAACAT TAACAAAATC 420  
 GATAGCTATT ACATTAAATG CCTATACCCC AGACCTCAA CACCTTTTTA TACAGGACGC 480  
 ACTGTAATTT CATyyACGTT AACGTGCTTT GGTGTGTGTA ATGCATATAA TACTGCTTCT 540

GTATCTACCA TTCCTGGAGA AATGCTTGTT ACTTTAACGC CTGTCTTTGC CAACTCTTTT 660  
 TCTAATCCTT GAGTAATAGT GTGAACTGCT GCTTTCGTCG CACTATAAAT CGTACTACTT 720  
 5 TTCGTTACTT CAAAGCCAGA AATAGATGcA ATGTTAATAA GATGGCCACT TGATTGTTCT 780  
 AACATAGTTG GTAATGCAGC CTGTGCCGTA TATAAAGTGC CTTTGATATT CACATCAATC 840  
 10 ATACTATCCC ACTCATCTAC TTGATAATCA GTAATCTTAG ACGACAACAT TTGCCCCGCA 900  
 CTATTGATAA CAATATCCAA ACCACCGAAT GTTTGTTGTG CAATTTTTAT CAATTCATCG 960  
 ACTTCTTCTT TATTCGTTAC ATCTGTTGGC ACTACCTTCA CACTATCTTG TGACAATTGA 1020  
 15 TTCGCTACGT TTTGTAATTT TTCTTTATTT CTACCTGCTA AGACAACTTT TGCCCCCTTCT 1080  
 TCATGTAGTA ATGTTGCAAT TGCTTCTCCA ATACCACTAC CTGCACCTGT AACTACTGCT 1140  
 ACTTTATCTG TTAATACTGT CATAATGATC GACTCCTTTG ATTCTTTTTA TTTTTTCAGG 1200  
 20 GTAAATCATA AATACATATT ACTTTTAAAA AGCGTATCAC AATTCATATA ACGGTCATAA 1260  
 TAACTCGCTT CATTTTCATA GATAAATTAC ATTACAAGCC ATTCGAAACA TACAATTAAT 1320  
 CGTTGCTTAT ATTTTTTATT TTAAAAATG TTGAAAAATC GTCACTTCTT TATTGTAAAA 1380  
 25 ACATTATATT AGTAATAAAG TTAATACTGT GnATTTaTCA TTCGATTGAA TGATTAGAGG 1440  
 GAGGAATAAA ACgTGACATA TCATGAGCGT GTTTTAGCAT TAAGAGCAGA AAGTAAAAGA 1500  
 30 ACCGCATTTG ATTTTCGATT CGAAGATTTA TTTAGCAAAG AAGAATGGcT AAGTATGTCT 1560  
 CTTGCAGAAA GACAAAAAGC TGAAAAAGCA TTTCGACACG AgTTAAAAAT ATGGACGATG 1620  
 TAAGAATGCC CTTCTCAAGT GTCCATGACG CCCAAGTAAA ATTATATAAT GTTGTATATT 1680  
 35 CTTATAACGG CaTTAAACGT AATTTTAAAC AAGTTGAAAA TGGAAGGATT CTAATATCAT 1740  
 TTCGTTTATA TATnGCAGAC CATGGATAGA ATTTTnTATG GTnAATCC 1788

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 331:

40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1341 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 45 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 331:

50 TAAGCCAAAT CCATTGTTAC CAGAAGAAGT TCGCTTCATC TTAAAACAAA TGGGTCTTAA 60  
 AGAAAAGACT ATCGATGTTG AACTCGAAGT TGGCGAGCAA GTTCGTATTA AATCAGGTCC 120  
 ATTTGCGAAT CAAGTTGGTG AAGTTCAAGA AATTGAAACA GaTAAGTTTA AGCTAACAGT 180  
 55

GCTTTAATTA ACAATTAAAG TTATTAACT AACCAAAAGA TAAAAAAGAG TATTGATTTT 300  
 TTAATTAGAA AAGTGTTAAA ATTATGTGGT cGcGCTTTTA GAGCGCCCAT TTCGTcACGA 360  
 5 AATGTTAAGA GTGGGAGGGC AAAACTGAGC CCTGTGACCA CATCACGATA TCAAGGAGGT 420  
 GCACATCGTG GCTAAAAAAG TAGATAAAGT TGTTAAATTA CAAATTCCTG CAGGTAAAGC 480  
 GAATCCAGCA CCACCAGTTG GTCCAGCATT AGGTCAAGCA GGTGTGAACA TCATGGGATT 540  
 10 CTGTAAAGAG TTCAATGCAC GTACTCAAGA TCAAGCAGGT TTAATTATTC CGGTAGAAAT 600  
 CAGTGTTTAT GAAGATCGTT CATTTACATT TATTACaAAA ACTCCACCGG CTCCaGTATT 660  
 ACTTAAAAAA GCAGCTGGTA TTGAAAAGG TTCAGGCGAA CCAAACAAAA CTAAAGTTGC 720  
 TACAGTAACT AAAGATCAAG TACGCGAAAT TGCTAACAGC AAAATGCAAG ACTTAAACGC 780  
 TGCTGACGAA GAAGCAGCTA TCGGTATTAT CGAAGGTACT GCACGTAGTA TGGGTATCGT 840  
 20 TGTAGAATAA TTTTACGAAT ATTAAATTG ATTACATGAT TTAAACGATG AAGCAGATAA 900  
 CAGAGATAAT AATGATGAAT TATAAATATA ATCTGAATGA CTAGATTAAT GATTGATTTA 960  
 TTCATAAGAT TAATTCTTCT GTTGTCTGcy CTTAACTTGC ATATAGCAAG TAATGTGGGA 1020  
 25 GGAAATTCCG CTAAAACCAC TAAAGGAGGA ACTATAAATG GCTAAAAAAG GTAAAAAGTA 1080  
 TCAAGAAGCA GCTAGTAAAG TTGACCGTAC TCAGCACTAC AGTGTGAAG AAGCAATTAA 1140  
 ATTAGCTAAA GAAACAAGCA TTGCTAACTT TGACGCTTCT GTTGAAGTTG CATTCCGTTT 1200  
 30 AGGAATTGAT ACACGTAAAA ATGACCAACA AATCCGTGGT GCAGTTGTAT TACCAAACGG 1260  
 AACTGGTAAA TCACAAAGTG TATTAGTATT CGCTAAAGGT GACAAAATTG CTGAAGCTGA 1320  
 35 AGCAGCAGGT GCTGACTATG T 1341

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 332:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

40 (A) LENGTH: 5136 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 332:

CTCTAAATCT TCAATAGGTA ACTTCATTTT AATAATTCCC ATTTGAACAA TTGCTTCTTC 60  
 50 ATCATTGACA ATTTCTAAAA CTTCAACCCTT TTGACCGTAA GAKAATACTT TkACTTCATC 120  
 ACCAGCAACA ATTTTATCGT ATTTTGTCTT TTGTACATTT TGCTTTATAG ATTTGCTTC 180  
 ATAATGATCA TCTAATCGTT TCTTCTTATC AATCAATTCA TGTTCTTTAA CATCTGCACC 240

55

	CTTAATCTTC	TGATTTGCTT	TKTCTTTTCGC	TTCCTCTATT	AGAGACTTTT	CATAATTTTG	360
	GAATTGTTGA	TACTGCTTAG	ATAAATCATC	ATGCACTTGT	CCGCKTskTT	TACAAGACGG	420
5	TCCAGkTCTA	ACCTCTGTGT	CTCTACACGT	TTGTAATTAC	GCTCTAATGA	TTCAATCATT	480
	TCATTTATTT	CTTTTTCATC	AGTACCAATC	ATCGTCTTAG	CCTTATTAAT	AATATTCAAA	540
	CTAAGACCTA	ACTTTTTAGA	AATGTCAAAA	GCATTTGAAC	GACCCGGCAC	ACCCATTAAT	600
10	AACTTATACG	TTGGACTCAA	AGTATCTACA	TCAAATTCTA	CACTCGCATT	CATAACGCCT	660
	TCTCGATTAT	AACTATATGC	TTTAAGTTCA	GGATAGTGCG	TCGTTGCCAT	TACTAGAGAA	720
	CCAATTTTTTC	TAACATGATC	TAAAATGCTC	ATTGCTAATG	CAGCACCTTC	ACTCGGATCT	780
15	GTACCTGCAC	CTAATTCATC	AAATAAACT	AACTATGTT	TGTCTGCATG	CTTTAAAATT	840
	TCAACTATAT	TCGTCATATG	AGATGAAAAA	GTTGATAATG	ATTGTTCTAT	TGATTGTTCA	900
20	TCTCCGATAT	CGCAATATAC	ATTTTAAAT	ACACTTAACT	GACTACCATC	AAGTGTGGGA	960
	ATCAACAATC	CTGATTGAGC	CATAACAATA	ATTAAACCTA	ATGTTTTTAA	TGTTACAGTT	1020
	TTACCACCTG	TATTCGGTCC	TGTAATAATT	ACCGTTTCAA	TATCTTCCAT	AAATTCGATG	1080
25	GTATTAGCTA	CAACAGTCTC	ACGATTTAAT	AATGGATGGT	ATGCTTTAGG	TAAATATACA	1140
	GTACGGTCCT	CTTTAAATAT	CGGCTTTGTT	CCTTTAATAC	TTCTACTATA	TCTCGCTTTT	1200
	GCGATTAAAA	AATCTAACTG	ACCCATGACT	TGTTCTGCCA	CAAGTAGTGC	ATCTTTGTCC	1260
30	GCAGCCACAT	AACCAGTTAG	TTGCGTTAAA	ATGCGTTCTT	TTTCAATTGC	TTCGTCATGA	1320
	CGTAATCGAC	TAATTTGATT	ATTCATTTCA	ACAACTGATG	ATGGCTCAAT	ATACAATGTT	1380
35	TGTCCTGAAG	CAGATTGATC	ATGTACAATC	CCATTAAAAT	CTTGTCGATA	TTCAGCTTTG	1440
	ACAGGTATAA	CGTTTCTTTC	ATTCCTAACT	GTTACAATAG	CATCTGATAA	TTTTTTCTGA	1500
	TTTGCTTGGC	TTTAAACAAT	ACGGTCCAAA	TTTTGTCTAA	TACGTTGATT	CGTGCTAGAA	1560
40	ATTTTACTTC	TAATCCCTTG	CAATTCATAA	CTCGCATTAT	CATATAAATC	ATACGTATCG	1620
	CATGTTTCAT	TTATTTGTTG	AAAAAGATCA	GTTAACACAG	GTAATTGATT	CATCTTGTC	1680
	TCTAATATTG	GGTATTTAAC	ACCTTCATCT	TCTTCAACCA	ATTGATTATA	AAATGTCTTG	1740
45	AATTGATTTT	GTAATTGAAT	TAATCTTTTT	ATCAAGTTAA	GCTCTGATAC	ATTTAAAACG	1800
	CCGCCAATAT	CAGCGCGATG	AATGAATGCT	GATACTTTAG	ATAAGCCACT	CAAGCTTGGT	1860
50	AAACGATGCT	TATTATAGAT	TTGAGCAATC	TCATCCGTTT	CTTCCATTTG	AAAAACAACC	1920
	GTTTCAAAAT	TAGTAGCTGG	CATCATTTGA	TTGACCTTTT	CCAAGCCTAA	GTCACATAA	1980
	GTTTCATTGG	CAACGAGTGA	TTTTATTTTT	TCAAATTCTA	AGACGTCTAA	TGTTTTTTGT	2040
55							



	TCACGCGATA ATGCGTTAAT CACTCTATCT TTTGTtACAA ATCCTTTTTTG CGCAGTTGtA	2160
	CGCCATAATT CATAAAATCT AAATGATTtG TATGATGCGC ATCAGTGTtA ATAGTTAATT	2220
5	TCACATTTGG ATATTTACGA ACGATATCAG CGCTCAGATC CAGTCGATGT GGATTGGCAT	2280
	TAATTTCTAA TACTGTATTc GTTTCTTCAG CTAATGCCAT TAATTGTTCA ATATTCGGTT	2340
10	TATAACCATC TCTTCTACCT ATAATACGCC CTGFTGGATG CGCTATATGT CGCACGTATG	2400
	GATTGCGACA TGCATTAGCT AATCGTTCCA TAATTTGTTC TTCTGATTGG TTAAAGCTTT	2460
	GATGAATAGC TCCAATTACA TAATCAAGTT GTGCTAAAAT TTCATCATCA TAATCCAGCG	2520
15	AGCCATCAGG TAATATATCC ATTTCTGTAC CTGAATAAAT ATCAATTTCA CTATATTCTT	2580
	TATCTAAAGC CTTAATTTCT TCGTTTTGTC TTAAAGTCT TTCTACTTGT AAGCCATTAG	2640
	CAACACGTAA ACTTTGTGAA TGATCAGTAA TTACCATGAA TTTATAACCT TTTGCGATAT	2700
20	TTGCTTCTAC CATGTCTCGA ATAGAAAACG CACCATCACT ATACGTTGTA TGCATATGAA	2760
	TATCACCATT AATATCATCT ATTGTAATGA TATTACTTAG ATCTTTATCA AATTCGCTAC	2820
	CATCTTCTCG CATAGCAGGT GGTATAAAAT TCACATTAAA ATGTTCATAT ATCTTGGCTT	2880
25	CACTATCATA TTGAATTAAT GTACCATCAG CTTGTTCAAT TCCATATTCA CTTACTTTTT	2940
	CATCACGTGC TTTAGCAAGT TGTCGAATTC TTATATTATG TTCTTTTGAC CCAGTAAAAT	3000
30	GCTGCAATGT ATGATAAAAA GCACTTGGTT CAATTAATCG AAAATCGACA CCAATCGTTT	3060
	CATCATCATA CGCTAATTCT AATGAAACTT TTGTGTTCCC CACTGCAACT TCTTTTACTT	3120
	TATTGGGAAT ATTTAATAAT TGCTGCTGCA CTGCTTTTGG GTTATCGGTA CTTATTATGA	3180
35	AATCTAAATC TTTGCTCATT TCTTTAAAC GACGGAAGCT TCCTGCAGAT GAATATTGAT	3240
	CGATATAATT TAATGTATCT ATATAATCAA TGATTTCTTG ATTAAGTCTT CTCATTTGAT	3300
	CAATTGGATA TCTATCTTTC TTAGCACCAA GTTGTTTCAC AGCTTCTAAT ATGTTTTGTT	3360
40	CCGTTTTCTT AGCAAATCCG CTTAATTCAC TAACTTTTCC ATTTTCACAA GCAACTTGAA	3420
	GTGACGCTTT ATCAACAATA TTCAACTCTT TATATAGCTT AGCAATTTTC TTGCTTCCAA	3480
45	GTCCTTGAAT TTTCAAAAGT GGAATAAGAC CTTCCGGAAC TTCTTCCTGT AATTGCTGTA	3540
	AATACTGAGA TTCACCGGTC TCACGGTAAT CATTGATTAC TTCTGCAACA CCTTTACCAA	3600
	TGCCTTTtAA CTCCGTtACA TCAGATATTT CATCTAATGG TCGTTCATCT AATTCAAGAC	3660
50	TTTGAGCTGC TTTTCGaTAC GCTGaTATTT TAAAAGTATT TTCCCCTTTT AATTCCATAT	3720
	AAGTAGCAAT TTGTTCTAAT AGTTTGATAA CATCTTTTTT TGTCATAATA ACACTCCATA	3780
55	AAAAGAAGAC CAGGACGTAT CATTAATATA TACCTTTGTC CTGACCTCTT ATGATAATTT	3840

TAGATATTTT AAGCTGATGT TGTAATGCTT CGTTAGGATA TAATGCCAAT AGATATAACG 3960  
 TAAAGTGTA GACAATTATC GTCATAAACA CACCAACTAT CATTCCCATT GCACGACTGA 4020  
 5 AAATATGAAT GTTTTGATAC GCTATTATTT TATCAAAAGT TACGATAATT AGATATAAAA 4080  
 TGAACCTTACA AAACAATGTA ATCATTAAAA AAGCTACAAT CGCTTCAAAT CGATTTTGTA 4140  
 10 GATGATTAAA ATGAAACGCA AAAGTTGTAT TAAATGCTGT TGTTTTAGGA TATGGAATAA 4200  
 ATACAATTAA TCTTTCTACA ATAGATTTGT AAAATTGACT GGCAATCCAC AATGATACAA 4260  
 nCGTTGCACT CAAATGTATC ATAGATAACC AAAAACCTCG TCTGAATCCA ACGATGACAA 4320  
 15 AATACACAAA GAAAATGATT ATGATAAAAT CAATGACCAT TTATTGCTCA CGCTGCTGCA 4380  
 ATTTGTGAAT TTGTTGTTTC AAACGTCGAT TTTTTTCTT CTAGTAGTAC TTTTTCATGC 4440  
 ATAATATTCA CAGCAGTTAG TATTGCTTTT CTTGAAGTAT CTAAACCTGC TGCTTTATAC 4500  
 20 CCTAATTCTT TTATTTTATC ATCAACTAAA TGTGCTACAT ATCGTATGTG CTCTGGGTTA 4560  
 TCTTCCCCAA CAATTGTAAA AAGCTGATCA TTAATTGATA CATTTACCTT GTTTTTAAAC 4620  
 TGTGTCATTT ATAATTTCTC CTGATCCTTT TTTTAAAATC TAAATTCACG TTATAAAATA 4680  
 25 TGACTGGATA GTTTGTCTGA ATTTGATACT AATATTGTTA TATTGCAATT ATGATAAAAC 4740  
 AACAAACAAA TCTCTATAGA TGACTTAATG TTCTTTTTAT AATGAAATAA TGTAAGAAT 4800  
 30 TTTCTATTCA ATACTTTATC ATGTTTAAAT TGTGTCAC TAACATTTTC ATAAACATTA 4860  
 TACATGACCA CTATGTATTT TGTAAGTATC CGCAATTAAT TCTTTACAAC ATACATAAAT 4920  
 GTTCTGACG TTATTATCAT TTATGATATG ATTATTTTGT CTAAAGACAA TGAAATTTTA 4980  
 35 TGAAAGGATT TACACAAATG GCGAATATCG TTTTAAATT GTCGGATAAA GACATAACGA 5040  
 CATTAATGTC ACGCATTTCT TTTGATACTG AGAATTTACC TCAAGGnATG AnAGCACGTG 5100  
 CAAAGTATCC AAAATACAAC TGTAATATT TACCAT 5136

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 333:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4239 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 333:

GGCCAAAATT GCACCTCCAC TTTCCTTTGA ACAAATCTAT TTAAACGCA CATTCCCATT 60  
 ATGACAAATT AAATGTGAGT nACATTTGTT TGTATTTTAA CATGACTACT AACGCAAACT 120

	GGTATCTTTC	AAAGATAAAA	TCCTAATAAT	TTCTTAGTAA	ACTCTTTTCT	CTAGATTTAT	240
	CACAATATTA	TATAGACCTA	TTTTATTTTG	ACGTAAGTTG	CTAGTATCTT	CAAACAAAAA	300
5	ACCTTTATAA	AAATTCATAC	CTTTATGCTA	TCGCTGTAGG	CTCATTAACT	TGTTACATAT	360
	AATTCTTAAC	TATCCTTTGA	TGATTGTTTT	ATTAGATTGT	TTCGTTGATG	GATACTTTCA	420
	CGAATTTCTA	TAGTTCAATG	CTACTAAAAA	AACAGCCCAA	AACTTTAATT	TGTTTTGGAC	480
10	TGTTTTATAA	TTATGCTTGC	GATGGTGTTT	TAGTTTCTGA	AGTTTGTTCA	GCAATGTCAT	540
	ATTTAAACTC	TTTACCATCA	TGATCTACTG	TAACTTTCTT	ACCTTCAATT	TGATTACCAT	600
	CTAATATTAA	TTCACTTAAA	TTATCTTCGA	TAGTTTTTTG	TATCGCTCTA	ATTAATGGTC	660
15	TTGCACCATA	TTCTGGATCA	TATCCTTCTT	CTGCGATTTT	GTCTTTCGCT	TTATCAGTTA	720
	CAATAATATT	TATGTTTTGT	TCAGATAATC	GATTTGTAA	TTTATTAACC	ATCATTGTTA	780
20	CAATTTCTTT	TAATTCTTCT	TTTGTTAGTT	TATGGAATAC	AATGATATCA	TCTACACGGT	840
	TTAAAAATTC	TGGACGGAAT	GAATTTTTTA	ATTCTTTTAA	CATCGTTTTT	CGAATTGTTT	900
	CATAATCTTG	TCCATCACTT	GAACCACCGA	ATCCAGCAA	TCGTTGATCT	TGTAATTCTT	960
25	GTGCCCCAAC	GTTTGATGTC	ATTATGATAA	TTGTATTTCT	GAAATCAACT	GTACGTCCTT	1020
	TTGTATCTGT	CAAATGTCCA	TCATCTAAAA	CTTGTAATAG	AATATTAAAT	ACATCTGGAT	1080
	GAGCTTTTTTC	AATTTTCATCA	AATAAAATTA	CAGAATATGG	TTTACGTCTA	ACTTTTTTCAG	1140
30	TTAATTGTCC	ACCATCATCA	TGACCAACAT	ATCCTGGAGG	AGCACCAACT	AATCGGCTCA	1200
	CTGCGTGTTT	TTCCATAAAT	TCACTCATGT	CTACACGGAT	CATCGCATCA	TCATCGCCAA	1260
35	ACATTGATTC	AGCTAAAGCT	CTAGCTAATT	CAGTTTTTACC	AACACCAGTT	GGTCCAAGGA	1320
	AGATAAAGCT	ACCAATTGGT	CGTTTAGGAT	CTTTTAACCC	TGCACGGGCA	CGTCTAACCG	1380
	CTTTACTGAT	TGAATTAACA	GCATCTTTTT	GCCCAATAAC	TCTCTCATGT	AATGTATCTT	1440
40	CTAGACTAAG	AAGTTTTTCA	GATTCTGTTT	CATTGATTTT	AGTTAATGGG	ATACCTGTCC	1500
	ATCCTGCAAT	AACTTCAGCA	ATATCTTCTT	CTGACAATGA	AGTTGACATG	CCATTTTGTG	1560
	CATTCTTCCA	TTCATTTTTA	GCTTCTTCAT	ATTGCTTTTC	AAGTTTTGTT	TGTTTATCAC	1620
45	GCAGgTTAGC	AGCATTTTCA	AACTCTTGAG	CATGTACTGC	GGCATCTTTT	TCATTTTTAA	1680
	CTTTTTCAAT	TTCTTGTTCA	ATTTCTTTTA	AATTATTAGG	TGTCGTATGA	CTCTTAAGTC	1740
50	TTACTTTAGA	ACTTGCTTCA	TCAATTAAAT	CAATTGCTTT	ATCTGGTAAG	AAACGATCTG	1800
	AAACGTATCT	GTTACTTAAT	TTAACAGCTG	CTTCAATAGC	TTCGTCTGAA	ATATTAATAC	1860
	GATGGTGTGC	TTCGTAACGA	TCTCTTAATC	CTTTTAAAAT	AGCAACTGTA	TCTACTACTG	1920

55

	TTTTGCGATA	TTCATCTAAT	GTAGTAGCAC	CAATACATTG	TAATTCACCA	CGTGCTAATG	2040
	CCGGCTTCAA	AATATTCGAA	GCATCGATAG	CACCTTCAGC	ACCACCAGCA	CCAACTAAAG	2100
5	TATGCAACTC	ATCAATAAAT	AGGATGACAT	TACCTGCTTG	TTGGATTCT	TCCATAACCT	2160
	TTTTCAGACG	CTCTTCAAAT	TCACCACGAT	ATTTAGTACC	TGCAACTACT	GTTCCCATAT	2220
	CTAAAGACAT	AACACGCTTA	TCTTTTAATG	TCTCTGGTAC	CTCATTATTC	ACTAeGGCtT	2280
10	GCGCTAAACC	TTCAGCAATA	GCAGTTTAC	CAACACCTGG	CTCTCCAATA	AGCACAGGAT	2340
	TGTTTTTCGT	ACGTCTACTT	AATACTTCAA	TTACACGTGT	AATTTCTTTA	TCACGTCCTA	2400
	TAACAGGATC	TAATGTACCG	TCTTTGGCAA	TGACTGTTAA	GTCACGAGCT	AAACTATCTA	2460
15	AAGTTGGAGT	ATTATTTGAC	TTACTAGCTT	GTGCATTTTT	ATTACTCATT	TCAGGGTTTC	2520
	CTAAAGCTTT	CACAACTTGT	GCACGTGCTT	TAGTAATATT	TAAATCTAGA	TTTGCAAAAA	2580
20	CTCTTGCTGC	AACACCTTCA	TTTTCACGAA	TCAAGCCTAA	TAAAATATGT	TCCGTTCCAA	2640
	CAAAATTGTG	ATGTAATTTT	CTAGCTTCAT	CCATCGATAA	TTCAATGACT	TTTTTAGCTC	2700
	TAGGTGTATA	ATGCAATGTA	CCAACATGAT	CTTGACCATG	TCCGATTAAT	TTTCAACTT	2760
25	CTTCAATTAC	TTTATCTTCA	GTGATATTAA	AACTTTCTAA	TACTTTTGCA	GCAATTCCTT	2820
	CAGGTTCTTT	CATTAACCCC	AATAATAGGT	GTTCTGTTCC	TATATTTGAA	TGATTTAAAC	2880
	GAATTGCTTC	TTCTTGGGCA	TGTGCTAATA	cGCGCTGTGC	ACGCTCAGTT	AATCTACCAA	2940
30	ATAACATAAA	TAATGACCTC	CTACTTTATA	TGTTCTCTTA	GTATATCTGC	TCGTTTTTCT	3000
	TTTACAGATT	TGTCATCTTC	TTCATCTAAT	AAAAATGGTG	ACTGTATAGC	TACCATCAAT	3060
35	TCATTAAATT	TAAAGTTTTG	TAATTCAATG	TAATTTAAAT	CTATACCAAG	TTTAACTcGC	3120
	TTAATCTATA	AGAAGCCTCT	TCCATAGTTA	TCATTCTACA	GTTTTGTAAA	ATACCTAGCG	3180
	AGCGAAAAAC	ACGGTCTTGT	GTTTCTAATT	GATTATAAGT	GTCTAACTTT	TGTCGTATTT	3240
40	GTTTTTCTTC	ATGAATGATT	TGATTAACAA	CTTCTGTTAA	TGTTTCTATG	ATTTCTAACT	3300
	CAGATTTACC	AAGTGTAAGT	TGGTTGGATA	CTTGATAAGT	ATGTCCATAA	ACTTGCGAAC	3360
	CTTCACCGTA	AATACCTCTG	ATTGTATATC	CAAAACGATT	AATGGTTTGA	GCAATCCGTG	3420
45	TCATTCTTTT	CATAATAGAT	AGACCTGGCA	AATGTAGCAT	CACGCTTGCT	CTCATACCAG	3480
	TACCTATATT	GGTAGGACAT	GTAGTTAAAT	AACCAAGTTG	TTCATCATAA	CTTATATCAA	3540
50	GGCTTCGATC	TAATTCATCA	TCAATTGATG	AAGCTTGATT	ATATAAAGCC	TGTAATGTCC	3600
	TGTCAGTTCC	CATAGCTTGA	ATACGAATAT	GGTCCTCTTC	ATTTATCATG	ACACTTAAAG	3660
	ATTCATCGTC	ATTCACTAAT	ACTGCGGCTG	CTGGTTGTTT	TATTAGTTCA	GGACTAATCA	3720
55							

CAAAGTTTGG CAAGGCATCT TGTACCTCAT TTATAACTCT AAATCCCATC ATTTTCAGTA 3840  
 GCATACATTA GTGGATGCAC ATGATTTTCT AAAATACGCG CTAACCGAAT TCTAGAAGAC 3900  
 5 ATAACAATTG GTGTTTCTTC ATTACTTTTC ATCCATTGGC TGATATTATC ATGAATATTA 3960  
 TCGGTCATCA TGTGTCACCT CACTCTCAGC TTTTAGTGCT TTAATTTTCAT CTCTAACAAT 4020  
 GGCTGCTTCC TCAAAATCTT GGATTTCAT AAGTTTTTTC AAATATTCAT TCTTTTCTTC 4080  
 10 GATTTTTCGC TTAAAGCTA TCTTTTATG TGAAGAATGT GGTGTCTTTC CAACGTGCTC 4140  
 AAATTGTCCA CCTTGAATC TCGGACGAT ATCAATGATG TCATCTTTAA ATGTTGCATA 4200  
 15 ACAATTAGCA CACCCAAATT TACCAACATG TGCAATATC 4239

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 334:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1245 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 334:

CAAACTTTG ATTATGTCGT GTCAGTTATT AATGCATACA GTAATGCATC GTTGTTATTT 60  
 TTTATTTATT TACTATTTAT TATGTACCAA ATCAGCCTTt CAGTAAAATA GGTCAAATTA 120  
 30 CTGATTTTCT AAATATAAAA TGCCTCCTAA TAACATACTA TTAGTACATC ATTAAGAGGC 180  
 TCTTGTGTTA TTTGCATACT AAGCGCTCAA ATTTAAATTT AAGATGAAGA TTCTTGCAAT 240  
 AATATTTCTA TATTTGTCGA TATATCCAAT GGATCTTCCA TTGGCAAGAA TCGATTTACA 300  
 ACATTTCTTT GTCGATCGAT TATAAATTTT GTGAAATTCC ATTTTATTGG GGaCCCAAAG 360  
 ATTCCTGGTT GTTCaTTCTT TAAATGCGtA AATAACGGAT GTTCATCGTT CCCGTTCACTA 420  
 40 GATATTTTAG CTAACACTGG AAATGTTACA CCAATTTCT CACGACTAAT TTTCAAGATT 480  
 TCTTCATTAG AACCTGGTTG TCGATTGTCA AAATTATTAT TCGGAAAACCT CAACACTACA 540  
 AACCCACGAT CCTTATATTT TTGAAATAAA GTCTCTAGTT TTTTCAATTG TTCGCTATAT 600  
 45 ATACATTCTG TTGCAGTATT AACAACTAAA ATCACTTTAC CTCTAAATGC TTCTAATTTA 660  
 TAAGTTAAGC CTTTATAATC ACTTACTTCG ATATCATACA CATTTCTATT ATTCATAAGA 720  
 CACCCCTACA CAGCCTTTTT TATATTGAAT ATGTTCTTTT TAGAATGTTC TGATAAAATA 780  
 50 AGTGCGCGTT TACACCGTGA ACACACATTA TATAGCGTGA TACATTTTTC GAGCACACGA 840  
 TAAATAATGT TCGAGTTTAT GTTGTTGCTC AACCTATCCG ATTTACCGTC TTTTTCACC 900



CCGTTATAAC CCCTCATTAT AATCATCCTT ATTTTCTATT TTTAAAAAGA CAATTAGACC 1020  
 GCTCTTTAAA CTATAGaTTA ATACTTAAGk TAAACTCATA CATACTGATA CCATACGTTA 1080  
 5 GATCTAACAA TTTAAAATTC GTTATAACTA TGGATTAAAG AGCTGCCCAA CTCATATAAT 1140  
 CCTTAAAAAC TTCACATGTG ATTGTkTATT AAGCCCTCCT TTATChTATT AAATATCCTT 1200  
 ATAACCCTTT TAAAATTAAA CTGACACACT CATACTTGT TACAC 1245

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 335:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 15 (A) LENGTH: 1399 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 335:

CTTGTAAGG TAGTTGTTCA TTTAAATTAA AACAGTATGC TAAGTTnGTG CTTATATTTT 60  
 GCAACTTCAA TTCGACAGGC TCATCTTGAT ACATGAATGC CTCAATTTCa TCATGTGATA 120  
 25 ACTTTTTCaA AATATCAATT AAATGrATAC TAAAAACGAT AAATAACATA TCCCAATTG 180  
 AATTCAGCCC TAGCGATTTT AATTTGTTTA AAATCTTATC TTTTGGAAA ATTTCGATTCC 240  
 TAATGTCTTG TATATCGTTA TCAGTCAAAG TTTCCCAATC TATATGTGAA TGAAGACCTA 300  
 30 AATAACACTT ATCCATTAAT AATTCATATA CCGTTAATGC AGAGACATCG AAACAACGTT 360  
 CTTCACTTAz AAAAACGCCA TCAACATCAA ATAAAATTTT CTTCACAATC CCCACTCCAT 420  
 35 TTCTGAAAAT TCAGaTATAA ATCATTCTAC TATTTGACTA AAAAAAGCGC AAACCCTATT 480  
 GAAGTaGATT TGCGCTTTAG CTGTtnAAAT TTTATAAATG TnTTTCAATT TCATCAGCAA 540  
 CCTGCTGTAC GTGTGTACCG ACAATAACTT GAGTTGAATG TTTGCCATTA ACAGTAACAC 600  
 40 CAACTGCACC GCGTTTTTTA ATCTTCTGTT TATCAATAAT AGATGTGTCT TTAACTCTA 660  
 GACGCAACCT TGTGACAA TTGGTTAAAT TAACAATATT CTCTTGACCG CCTAAACCTT 720  
 CTAATATTTG TATAGCATGT TGATGATATT TACTTTGTTT AATATCATTT TCACCAGGAG 780  
 45 CAATATTATC TTTTACAACT GTTGGGTCAA CTAATTCATT TTCACCTCTA CCAATCGTAT 840  
 TCAAGTTAAA TACTTGGATT ACTACACGGA AAATCACATA GTATAAGATG AAAAATACAA 900  
 CACCTTGAAC AAGCAACATC AATGGATGAT TTGATACTGG ATTAATTAGT GATAACACAT 960  
 50 AATCTATCAA ACCTGCACTA AATGAAAATC CAGCTGTCCA ATGGAATGTA GCTGCGATAA 1020  
 ATAAAGATAA TCCTGTTAAT AACGCATGAA CAACATATAA GATTGGCACA ACAAACATAA 1080

ACCAACCGTA AACTTGTTTT TTCTGAGTAG TTTTAGCTGT ATGATACATT GcTAACGCAG 1200  
 CCGCTGGAAT ACCGAACATC ATGATTGGGA AGAATCCCGC TTGATAGCGT CCTGTAATAC 1260  
 5 CTTTTATAGC ATCTTTGCCA CTTTGGAATT TACCAATATC ATTAATACCA ATCGTATCAA 1320  
 ACCAGAACAC ACTATTCAGT GCATGATGTA ATCCTGTAGG AATTAATAAT CTATTGGCAA 1380  
 CACCATATAT GAAAGCTCC 1399

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 336:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1329 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

15 (C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 336:

TATAGTTnTA TTATTTAGCG AAGCATTAAAT ACTACCACCG GTTATAACAA ATGTATTTTG 60  
 CGTATTAAAT TGAATGGTAG GACCAATCAA AGTATATTCA ATCGCTGGAC CATCATTGTT 120  
 25 AATTAATGAC TGCGCAACCT TAAAACTAAA TTGATCCATG GCACCTGCGC CTGAAAATCC 180  
 AATATGTTCA TAACCTATTC TTCCTAGATC TTGTACCGTT GAAAAGAGAC CTGGTTGTAA 240  
 AATCTTAATT GACATTTTCA ATCACCACCC AGTCATCAAC ATTAAAGTTG CCATCTGATA 300  
 30 TATCTCTTTC GATTTGTATA AATTTCTGTT CATCTATTGC ATAAAATTGT ATCCATTCTC 360  
 CTGCTTCGTA CATTGACATT GGTTACGCT CGCTGCTAAA TACTTTTAAc GGTGTGCGTC 420  
 CAATAATTTG CCATCCGCCA GGAGAATCTG ATGGATATAG TCCTGTTTGA TTATTCGCAA 480  
 35 TACCTACAGA ACCTGCATGA ATTTTTAACC TTGGCTGATT ACGTCTAGGT GTATGTAGTT 540  
 GTTCATCAAG TcCGCCTAAG TATGGAAATC CTGGCATAAA TCCTAGCATA TATATTAAAT 600  
 40 AAGGTTTACT TGTATGTTTT TCAATAACTT GCTCAACAGT TATTCGATTA TGCTTTGCTA 660  
 CTTCTTCAAT ATCTGGTCCA TATGTACCAC CATATTGAAC AGGTATTTTA ATAATACGAT 720  
 TGGTTTGATT CACAGCATGA ACATTTTTTT CATTAAATTT GTTAAGTTCT AAATTTTCAA 780  
 45 TTAATTTAGA AGATGTTATA GCTTGTTTCA CAAAATATAT TAGAACTGCT CGATACGAAG 840  
 GGACAATATC TTGAATTTCT AATATTTCTT TTTCTCGTAT CCACCGTACC ATTGCTGTGA 900  
 CATTACGATA TGTCTCTTCG GATATTTTAT TTTCAAAATA AATCATAATT GTCTGCTCGT 960  
 50 TAATAAATCT TACATCCACT TTAAATCCCC CTTTGTATTG CAATAAACCA GTATTGAATA 1020  
 CCTTTTCATT GTATCATTGA GAAGCACAAG TTGTTTAATA AGTAATTCAA ATCGCATATA 1080

TTAATATTGT AACTCTTACA CTAATTTAGG TTCTGCTATC ATTCGGTCTG ATGGAAAATT 1200  
 TTTACTTTTC ATCTGTCCGA TTTTGTGATT TTGAATATAA AAAAGCACGA CCGAAGTATC 1260  
 5 ATTAACACAC TTCAATCGCG CAATTAAATA ATCTATTTGA TCATTTATTG GATATTAAACA 1320  
 ATTTTACG 1329

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 337:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 3421 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 337:

GAATAGTGCC ATTTGGAAAG ACATAAAGAA TCCAGAAGCA CCTTTAGCGA ATATGCCGTG 60  
 TTCATATAGA TTTGTGAAAC TGGCATGCCC GAATTGAGTT TTAAATGCAA ATAGAATCAT 120  
 GACGAAACCA ACTACTATTA AACCAATAAT TGTCGCTATT TTAATGATAG AGAACCAAAA 180  
 25 TTCTAATTCT CCGAAAAGTC TTGCGCTAAG TAGGTTGAAT GACATTAATA ACAGTACACA 240  
 AAATAGTGCA CTTATCCAGT TTGGAATTTT TGGGAACCAA AAGCTAACAT ATTTTGCCAC 300  
 AGCCGTTACT TCAGCCATAC CTGTAATAAT CCAACAGAAC CAGTATGTCC ATCCGGTAAC 360  
 30 AAATCCTGCA AAAGGCCCAA TATATGTATT GGTACATCT GCGAAAGATT TAAATTCAGT 420  
 ATTCTGTATA ATGATTTCTC CTAAACCTCG CATAAACATA AATAACATAA ATCCTATAAT 480  
 GATGTATGTT AATAGAATTG AAGGGCCGGT TAATGCAATC GTTTGACCAG CACCTAAGAA 540  
 35 TAAGCCTGTA CCAATTGCAC CGCCAATTGC AATTAATTGT ATGTGGCGAT TGCTCAGTTC 600  
 CCTTTGTAAT TTTTCAGCCA TAATACATCT CCCTTAAATA TAGATATGTT TATTATGCAC 660  
 TTATATTGAG ATATATACAA TTATTTTCGG TAAAAATGTG TAAATTCCTA TGTTAATATA 720  
 CTTTGTTTTT TATAATCATA TATAATAACC AATTGAAAAT TTAATTCTAT TGTAATAATC 780  
 ATGGATTATT CACATCTTGA AAAAGCTTTA ATGGTGCTAT TTGTGGCTAT TCTGTGACAT 840  
 45 TTACATAGAT TTACAAAAAA ATTGTTGCAC ATATAATGCC AGTtTTTATA TTTCACAAAC 900  
 GAAATGCGTT TAcTATAATA TTAGTTGAAA GCCATTTTCAT AAAGAAACAG TAAAGGGGAA 960  
 ATTtATCaTA GCmGaATTAC AAAGAGGTTT AGAAGGGGTT ATCGCmGCGG AGACTAAAAT 1020  
 50 AAGTTCAATT ATTGAAAGTC AATTGACTTA TGCCGGCTAT GATATTGATG ATCTAGCTGA 1080  
 AAATGCGCAA TTTGAAGAAG TTATTTTCCT ATTATGGAAC TATAGATTGC CAAACGAAGA 1140

## EP 0 786 519 A2

	TACACATTTT	GAGGAGTATG	TTACAGATCA	CGTGCATCCA	ATGACAGCAT	TACGTACGTC	1260
	ATTATCATAT	ATTGCACATT	TCGATCCTGA	TGCTGAAAAT	GAATCAGATG	AAAATCGTTA	1320
5	TGAAAGAGCA	ATGCGTATAC	AGGCTAAAGT	AGCATCATT	GTTACAGCGT	TTGCTCGAGT	1380
	AAGACAAGAT	AAAGAACCAC	TTAAGCCTAA	TCCTGACTTA	AGTTATGCGG	CAAACCTCCT	1440
	ATATATGTTA	CGTGGGGAAT	TACCAACAGA	TATAGAAGTA	GAAGCCTTCA	ATAAAGCACT	1500
10	TATTTTACAC	GCTGATCATG	AGTTGAACGC	ATCTGCATTT	ACGGCACGTT	GTGCGGTATC	1560
	ATCATTGTCA	GATATGTACT	CAGGTATTGT	AGCAGCCGTA	GcTCTCTGAA	AGGGCCATTA	1620
	CATGGTGGTG	CAAACGAACA	AGTTATGACG	ATGTTATCTG	aGATTGGGTC	AaTTGAAAAT	1680
15	GTTGATGCTT	ACTTAGATGA	AAAATTTGCT	AATAAAGrTA	AAGTAATGGG	cTTCGGTCAT	1740
	CGTGTATATA	AAGATGGTGm	tCCTAGaGCG	AAaTATTTaA	GaGAAaTGAG	CCGTCAAaTT	1800
20	mCGAAAGACG	CTGGTCGTGA	AGAATTATTT	GAAaTGTCAG	TGAAAaTGGA	AAAmCGTATG	1860
	GCAGAAGAAA	AAGGATTAAT	TCCTAATGTT	GATTTTTATA	GTGCGAGTGT	TTATCACTGT	1920
	ATGGAAATAC	CTCATGACTT	ATTCACGCCA	ATCTTTGCTG	TAAGTCGTTT	TGCAGGATGG	1980
25	ATTGCTCATA	TTTTAGAACA	ATATAAAGAT	AATAGAATTA	TGCGTCCTAG	AGCGAAATAT	2040
	ATTGGCGAAA	CGAATCGTAA	GTATATCCCG	CTTGrAGaAA	GAAAmTAATC	AATACAAATT	2100
	AAAAATGAAG	ATGTAAAATT	TGGAGGTAAA	ATAACTATGA	CTGCAGAAAA	AATTACTCAA	2160
30	GGAAGTGAAG	GATTAAACGT	ACCTAATGAA	CCAATTATCC	CATTTATTAT	CGGTGATGGA	2220
	ATTGGACCGG	ATATTTGGAA	GGCAGCAAGC	CGAGTTATAG	ATGCTGctGT	TGAGAAAsCC	2280
35	TATAATGGCG	AAAAACGCaT	TGAATGGAAA	GAAGTGCTAG	CTGGCCAAAA	AGCATTTGAT	2340
	ACAACTGGTG	AATGGTTACC	TCAAGAAACA	CTTGATACAA	TTAAAGAATA	TTTAATTGCT	2400
	GTTAAAGGAC	CTTTAACAAC	ACCAATTGGT	GGTGGTATTA	GATCATTAAG	TGTGGCTTTA	2460
40	CGCCAAGAAT	TAGATTTATT	TACTTGCTTA	AGACCGGTAC	GTTGGTTTAA	AGGAGTACCA	2520
	TCACCTGTTA	AACGTCCACA	AGATGTTGAT	ATGGTTATTT	TCCGTGAAAA	TACTGAAGAC	2580
	ATTTATGCTG	GTATTGAATT	TAAAGAAGGT	ACAACAGAAG	TTAAAAAGGT	AATTGACTTC	2640
45	TTACAAAACG	AAATGGGTGC	GACAAACATT	CGATTCCCAG	AAACTTCAGG	TATTGGTATT	2700
	AAACCAGTTT	CTAAAGAAGG	AACTGAGCGA	TTAGTTAGAG	CAGCTATACA	ATATGCTATC	2760
	GATAATAACC	GTAAATCAGT	TACTTTAGTT	CATAAAGGTA	ATATTATGAA	ATTTACAGAA	2820
50	GGCTCATTTA	AGCAGTGGGG	TTACGATTTA	GCATTATCTG	AATTTGGTGA	TCAAGTATTC	2880
	ACTTGGCAAC	AATATGACGA	AATTGTTGAA	AATGAAGGCA	GAGATGCTGC	TAATGCTGCT	2940
55							

TTACAACAAA TTTTAACTCG TCCAGCTGAG CATGATGTTG TAGCAACTAT GAACTTGAAT 3060  
 GGTGACTATA TTTCAGATGC TTTAGCTGCA CAAGTTGGTG GTATTGGTAT TCGCCAGGT 3120  
 5 GCAAACATTA ATTATGAAAC AGGTCATGCT ATTTTTGAAG CAACACATGG TACAGCTCCA 3180  
 AAATATGCAG GTTTAAATAA AGTGAATCCA TCTTCAGTAA TTTTAAGTTC TGTATTAATG 3240  
 TTAGAACATT TAGGATGGCA AGAAGCGGCA GATAAGATTA CAGATTCAAT TGAAGATACA 3300  
 10 ATTGCTTCAA AAGTTGTTAC TTATGACTTT GCCCGTTTAA TGGaTGGtGC TGAAGAAGTT 3360  
 TCTACATCAG CATTTCGAGA TGAATTGATT GnAAATTTAA AATAAGCAGA ATAGAATTAG 3420  
 15 G 3421

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 338:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3173 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 338:

CCCTnGATAC CCAAAGTACC CTAATACCAC TGGCTAAACC TAATGGATAG TACCATTTAT 60  
 TTTCCAATAA ATAAACCAAC TGCAATnGCT ATaACTCTAA ATATAATAGA GATAATCmCA 120  
 30 TTAATTGGAT TAAtACGCCA AATACTAGTA ATAATAGGCT AGATAATAAT CCACCTAAAA 180  
 AGTACTTTTT AATTCCAAAG AAAGCTAATA TCAATAATGC TGCCGGTGCA GATAATTGAA 240  
 35 AATCTAATCC TGGTATAATG GACGGTATTT TCAAAACTGC CAAATGGTT AAAATCGCAG 300  
 CAATGACACT AATTTGAGTA ATATCTTTTG ATGTCATACT AAAACCCCTA TACCGTTTCA 360  
 TAAACAACTT GCTTCGGTGT GCTTTCTAAA AATGATATGT AATGATTTAA ATCAATACAA 420  
 40 TCGTCCACAA ATATTATTCT GCCTCCATAT CTCGTATTAA CTGGTTTAAAT ATCAAATAAT 480  
 CGATGGTAAC CAATTTTAGC AGCGGCAAAA TAACCTGTCG TATACGTAA GTCATCGGAC 540  
 ACGCAAAGTT CTCCTTTGAC ATACGGATGC GCATTGATAC AACTAGCAAT TGCTAAGGCA 600  
 45 TCAGTCACTC TTTCATTAAG ATCACCTTTA TTATTTATAT CTTCAAACGA AAAATGTGTT 660  
 GCCCTAATCC CCCTTTGTCC AAATGAATCT AAACGTTTAC CAGATATAGC AGATAGAATA 720  
 ATAGCTCCTG TATAAACCGT TTCATTTTAA ATATATGTCA TCCCTTGATT TAGCGCTTGT 780  
 50 TCAGTGACAC CACATTCTTG TGTAAATGT TGGAGATTG CTTTATCATC CTCAATAATT 840  
 TGTAATGCTT TTATTTGTTG AATCGGTTCC ATGATTTTTT GTATTTTTAT ATGAGAAAA 900



## EP 0 786 519 A2

	ATTTTGTCAA	ACTCACAAAT	CGTTTCAGCA	CCACTAATAT	GAACATCTTG	ATTGCTAGAA	1020
	CGCATTTTTA	TACTATACAT	GACGATCACC	TcAATCTTCT	TGaTGCAAAA	TTTCAAACAA	1080
5	CCTATCTATA	TCTTGTTTCAG	TATGAAAATA	CGACAATGAT	ATTCTTAACA	TTGGCTTAGT	1140
	CACAGTtGGA	TACCTTAAAT	AACTTGTAAG	CACATGATGC	TTTAATAATG	TTTGATGAAT	1200
	GTTCTCAGCC	GCTTCTATGT	CATCAAACCTC	AATAAACTTA	ATCGGCGAGT	TTGaACTATT	1260
10	ATAATkaACA	TTGAGTGCTT	TTAACTTTTG	GTAAAAATAT	TTACTCAAAC	TATTTAATTT	1320
	AGTGCGTCTA	TCATCAGCAT	TTATTAACCTT	TTCAATGTTT	CTTTTTATAA	AATACAAATT	1380
	ATAAATTGGC	AAACTACTTG	AGTAGATGAG	TGGTCTACCG	TGATTAATTA	aCATATCctT	1440
15	CaCATCaTTT	GaACTkaAAA	TcACACCCCC	GTATGCACCA	CATGCTTTAG	ATAAACTAGA	1500
	AGTGAGTATA	TCTACACCTT	GATAATTGGA	GTAAtTCTCT	ATtCCAAAAC	TATGTGAAAC	1560
20	ATCGAGTATC	AGTGTTGCGT	TAnATTTATG	CTTTAATGAG	ACTAATTGAC	CAATATCCAC	1620
	AACGTCGCCA	TTCGTTGAAA	ATACACTATC	AGATATGATT	ATTTTTGGTA	TATTTTGATT	1680
	AGGGTATTTT	TCTAACCTTT	TTTCTAAATC	AGCAATATCT	AAATGCTTAT	ATATCACTTT	1740
25	TTCTAAACCA	CTTAACCTTA	TACCGTCAAT	AATACTCGCA	TGATTTTCTT	GATCTGAAAA	1800
	CACGACACAA	TTTGTATTTT	TGAAAATATT	AAATAACGCC	AAATTAGCAT	CATAACCACT	1860
	ATTTAAGATA	GTACATGcAC	TATATCCGAG	CCAACCTGCT	AACATTGTTT	CAATTCTTTC	1920
30	ATAAGCTGTC	GAACCTCCAC	TAATTAATCT	TGAACCTGAT	AAGTGATAAC	TATACTTCCG	1980
	CATAAATCTT	TCGAAATCAT	CCTTATCAAA	CGCTATTTGA	CCTAATCCTA	AATAATCATT	2040
35	AGATGTATAG	TTCGTACATC	TCTTATTTTC	TACTTCAATA	TACTGTCTAT	CTATATACCC	2100
	TACCGATTTA	AGCGACCGAT	ATAACCCTTT	CTGTTGTAAT	AAATCAATTT	GCTCTTGAAA	2160
	CTTCATTCTT	GTTTTCCCTA	TTTTCAACAAG	TGTCATAATC	AATTTCAAAG	CCTAAATCAT	2220
40	TAATCATATC	GTAGTCTAAT	TGGTTCGGTT	GCCCACCAGT	AATTAGATAA	TnCACCGACA	2280
	AATATTGAAT	TCGCCGCTTT	TAATGCTAAT	GGCTGTAACG	AACGTAAGTT	GACCTCTCTT	2340
	CCTCCAGCAA	TACGAATTTT	TTTCGTAGGA	TTGATTAATC	GGAATAATGC	TACGATTCTT	2400
45	AAACATTTCA	TTGGTGTTAA	ATCATCCATG	CTTCCAAACT	TTGTGCCTTT	GATTGGATGC	2460
	AAAAAATTAA	TCGGAATACT	GTCGGCATCC	ATTTCTTTTA	AAGCAAATGC	CATATCAACA	2520
	ATATCTTGAT	TAGATTCTCC	CATACCACAA	ATCACGCCAG	AACATGGTGA	TATATTATTC	2580
50	GCTTTCATTA	GTTCTATCGT	ATCTGTTCTA	TCTTTATAAC	TATGCGTTGT	CACGACGTTA	2640
	TCATGGTAAT	TTTCACTTGT	ATTAATATTG	TGGTTATATC	TGTCTACACC	AGCTGACTTA	2700
55							

TGTGAGATT TAATCGTTCT TACAGTATTA CTAATATGAT CAACTTCTTT ATCGCTCGGT 2820  
 CCTCTACCAC TCATAACAAT ACAATATGTT CCAATATGAT TATCATGTGC CACCTTTGCT 2880  
 5 CCATCGATAA TTTGTTCCTC TGGAATTAAA GCATATCGCT GTTTTGTGTT AATATCTCGT 2940  
 GATTGTCCAC AGTACCCACA ATTTTCAGGA CATATACCAC TTTTAGCATT TAAAATCATG 3000  
 TTTAATTTTA CTTTTTTACC AAAATAATGT TTTCTTAAAA TGTACGCCTC ATTTAATAAA 3060  
 10 TCTAAGGTAT CAATATTAGT ATCCTCATAA ATtTTCAATA CAGTCTCTTT TGTtAATTGT 3120  
 tCCCCTTGTA ATATGCGTTT AGCCAAATTC ATATTAAACAC TTCCTATCTA AAA 3173

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 339:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1694 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 339:

25 CGATTATCCA TTAATACAAC CCTAAGTAAA TGTATAAAAA TTATCTTCCA CAAACTTCAA 60  
 CAAAAGCCTA AATAAATTAC AGCAATTTAT CAAATATTGC TTACTTTGAT TTTATGAAAT 120  
 nACTTAATTC TAACACATAC TAAATCATCA TATACTAATT CGAAATCAAA TGCATTTAGA 180  
 30 GATAATCaAA ATGCGGAAAC ATCTCCaATA ATCAATAATC TATTCCCAAT AAATATGAAT 240  
 GTTCTCAACA ATACATTATT TATATCTCTT TACACTGTCA TCGACAAAAA CTAAATCTTT 300  
 35 CACTTTCAAT TTCGAACGTG GTTCTACGAC ATTTGCTGCT ATATCATTTA ATGGGATTAA 360  
 AACAAATGCA CGTTCATTCA TTCTCGGATG TGGCACCGAC AGTTTGTGTA AATCTATCAT 420  
 TTCTTCTCCA TACAACAAAA TATCCACATC TAAAGTTCTA GGACCCCATC GTTCCTTTCT 480  
 40 AATACGGTGT AAACATTCTT CTGTCKTCAA ACAACATTCC AACAGTTGTA ATACTGTGAG 540  
 TGTGTTTsA ATTTCAACAC ACAAATTTAA AAAGTTAGGT TGCTCAGTAT ACCCAACTGG 600  
 TGCTGTTTCA TAAATCGGAG AAATAtTAGA TACGTTAATA CCATCATATT CATTCaAAAT 660  
 45 CTTyATAGCA TCGTTTAACT GGCTTTCTCT ATCACCAaTa TTACTIONCTA AyCCTAAGTA 720  
 TGCTTGAATC ATyTATTCTC CCTCACTATT TCGATACCTA CTCCATCATA ATGACCCGGA 780  
 ATCGGTGGGT TTTCTTTAGT GATTCTCACT TTCGTTTCCA TTACACGATT ATATTGTGAA 840  
 50 TTTATACGAT TTGCAATACG TTCAGCTAGA TGCTCAAGTA AATTAACGGC CTTACCTTCC 900  
 ATAATTGATT TAACCTCTTc GAACACTTCA CCATAATGAA CTGTATCAAT AACATTATCA 960

	ATTTCATTTT CAGCTGATAA AGCACCATGA TATCCATAAA AGCGCATACC TTTAAGAAAG	1080
	ATTGTGTCTT GCATTTTCAT TCTCCTTTAA AAAATCTATA CCTTTAGCTA ATTTAGCATT	1140
5	CAACTCGACA TTATGAACGC GTACTGCTCT AACGCCTTTC ATAATACCAT ATGCAGTCGT	1200
	AGCTGCAGTT ACTTCATCTC TTTCAACCGG TGTTGTATCA TAACCCATCA TCTCTTTAGT	1260
	GAAACGTTTC CGGCTTGTCG CTAATAAAAC TGGATATTCT GTTGCAACAA GTTCATCCAG	1320
10	TCTTGCCATA ACTTCGGCTT CTTCAATTTCT AGTTTTAGCG AAACCTATAC CTGGATCTAG	1380
	CCAAATTTTA TTTGAAGGTA TACCAGCTAT TTTAGCTTGA TGTGCTTGTG CTAACAAAGA	1440
	TGTTAACATT TCTTCGACAA CCGGTTTCATC ACGATTACCA TTTCCATTAT GCATTAAAAT	1500
15	AATTTCCGCG TCATATTTAG CTACAATTG GAACATACGA TGATCATACA GACCgCCcAT	1560
	tGATCATTAA TCATATCAAC GGCTAATTTT AAACATGCTT CAGCAACCTC ACTTCGAAAT	1620
20	GTATCGACTG AAATTTTTTA CATCAaAACC GACAATAGCT TCAaCAACAG TAATACTCTG	1680
	TTCCATCTCT TCTG	1694

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 340:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1358 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

30

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 340:

35	AGCATTTCTT TTCTATAAAC ATTTAATTGA ACATTATTAA GTACACTATT ACTATAGTCA	60
	CTATATTGAA CaCATACCTC ATTTAATTCT AATAGCGGTT CAGATTTGTA CTTATTATCA	120
	TTATTTGCAG ATGTTTCATC TATCCATTTT TTCACTTTAA ATTTAACATG TTCACTCATA	180
40	CAAACGTCAC GTAAATTTCGC TAAGTTATCA ATGGATTCTGA CATCTACTTC TGCATATTTA	240
	AGCGCTGTAC AGTATAATGG TTCACGTATG CCTGCTTCTT TAAGCTTAGA TGATTTTAGC	300
	AAATCACTAG GCGTTGTATT AGCGATGATT TTTCCATCTT TAAAAAGAAG AACTCTATCA	360
45	AACGTATCAT CTAATGATTC TTCTAATCGA TGTTTCGACAA TAATCATCGT TGACTTTGTT	420
	TCTTCATGAA TATTGTTTAA CAATCTCAGC GTTTCATGTC CTGTCGCAGG ATCTAAATTG	480
	GCCAGTGGCT CATCCAATAT TAAAATAGGC GTACGATGGA TTAATATACC ACCTAATGAA	540
50	ACGCGTTGTT TTTGACCTCC AGATAAATCT TGCGGTCGGT GATTIAAATG TTCTATCATG	600
	CCAACTTTTT CAGCCCAATA ACTTACATTT TTCTTCATAT CATCTTGTTT AACACAATTA	660

55

TCTTGTA AAA CTGTACCAAC AACATTAGAT CTATCATGTA AACAACTAAC GGTGTCATCT 780  
 TGATTATTTA TATATAGTTC CCCAGTTATG TTACCTTTAG TTTTAAATGG AATTAATCCG 840  
 5 TTTATGCAAT TTGCAAAAGT CGATTTACCA CTACCCGAAG CACCAACTAC TAATACTTTT 900  
 TCTCCTGGAT AAATATCAAC ATTTATATTC TGTAATGTAG GTGTTGCTTG ACTATGATAT 960  
 TGAAAACTAA AGTCTTTGAA CGAGATAATT GGTTCAGTCA TGATATATCA TTACCTTTCT 1020  
 10 ATATTCATTT ACATATCTGA TTCAACAAAA TAACTATTCC TTACGTAAAC TACCTTTTTT 1080  
 AATTTGAGAT GAAGCATATG CTTTAAATAA TATTGTCCCA ATAATGCCAA CTGAAATAAT 1140  
 ATTTAATACT GCAGAGATAA CACCTTGTGT ATAAACCTTG TTAGCTGGTT CGTTATAAAT 1200  
 15 CAAAATATCT AATGTTGGTG CAATAAGTGC CCAGCAAATA ATATTCGCAA TAATTTGACC 1260  
 GATATTAAAA TAAACCATCG ATTCCTAGA AAATCGGCCT GAAGAAAGAT TTAATTTTAG 1320  
 20 TCCAATCCAG CCATATAAAC AGCCTATAAT TCCCGAGC 1358

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 341:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

25 (A) LENGTH: 4557 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 341:

TAGAAGAATT GGAGAAAATG CTAATTCAAT TGTCAACATT CCATAGTTAT CATGATTTAG 60  
 AGTTTCTATT TGTGACACGT GAAGATGAAG TTGAAACATT GAAATGGGCA CGTTGGTTGC 120  
 35 CACATATGAC ATTGAGAGGG CAAAACATTA GAGGATTTGT TTACAATCAA CGAACGCGTG 180  
 ACCAAATTTT AACGTCAATT TATAGCATGA TTAAAGAACG TATCCAAGCT GTGCTGaACG 240  
 40 CAGCAGAAGT AATGAGCAAA TTATTTTCAC ACCGCAATTA GTGTTTGTCA TTACAGATAT 300  
 GTCATTAATT ATTGATCATG TCATTTTAGA ATATGTAAAC CAAGATTTAT CAGAATATGG 360  
 TATTTCAATTA ATCTTTGTTG AAGATGcGAT TGaAAGTTTG CCAGAGCATG TAGATACCAT 420  
 45 TATTGATATC AAGTCTCGTA CTGAAGGCGA ACTGATTACG AAAGAAAAAG AATTAGTTCA 480  
 ATTGAAATTT ACACCTGAAA ATATTGrTAA CGTCGATAAA GAATATATCG CGCGACGTTT 540  
 GGCGAATTTG ATACACGTCG AACATTTGAA AAATGCAATT CCTGATAGTA TTACATTTTTT 600  
 50 AGAGATGTAT AACGTGAAAG AAGTAGATCA GCTTGATGTG GTTAATCGAT GGAGACAAAA 660  
 CGAAACATAC AAAACGATGG CAGTACCTTT AGGTGTAAGA GGTAAAGATG ATATTTTATC 720

55

	AGGGAAATCT GAGATTATCC AATCATACAT TTTATCTTTA GCTATTAATT TTCACCCTCA	840
	TGAAGTTGCA TTCCTATTGA TTGACTATAA AGGTGGGGGT ATGGCGAACT TATTTAAAGA	900
5	TTTAGTCCAT TTAGTTGGTA CGATTACAAA CTTAGATGGC GATGAAGCGA TCGGTGCCTT	960
	AACATCAATC AAAGCCGAAT TGAGAAAACG TCAACGTTTA TTCGGAGAGC ATGATGTTAA	1020
	CCATATTAAT CAATACCATA AGTTATTTAA AGAAGGTATT GCGACAGAAC CAATGCCACA	1080
10	TTTATTCATT ATTTCCGATG AGTTTGCCGA ATTAAAATCA GAACAACCTG ATTTTATGAA	1140
	AGAACTTGTA TCAACGGCAC GTATTGGACG TTCGTTAGGT ATTCATTTAA TACTTGCGAC	1200
	ACAAAAACCA TCGGGTGTTG TTGATGACCA AATTTGGTCT AACTCTAAAT TTAAGTTGGC	1260
15	ATTAAAAGTA CAAGATAGAC AAGACAGTAA TGAAATTTTA AAAACACCAG ATGCAGCAGA	1320
	CATTACmTTA CCaGgTCGTG CGTATTTACA AGTTGGTAaT AATGAaATTT ATGAATTATt	1380
20	CCAATCTGCA TGGAGTGGTG CAACATATGA CATCGAAGGC GATAAATTAG AAGTTGAAGA	1440
	TAAGACGATT TACATGATTA ATGACTATGG TCAACTTCAA GCAATCAACA AAGACTTGAG	1500
	TGGACTTGAA GATGAAGAAA CGAAAGAAAA TCAAACCTGAG TTAGAAGCGG TCATAGATCA	1560
25	TATCGAATCT ATTACAACAC GATTAGAAAT CGAAGAAGTT AAGCGTCCAT GGCTACCACC	1620
	ATTGCCAGAA AATGTATATC ArGAAGATTT AGTAGAAACa GATTTcAGAA AATTATGGTC	1680
	AGATGATGCA AAAGAAGTGG AATTAACATT AGGACTTAAA GACGTACCAG AAGAACAATA	1740
30	TCAAGGACCG ATGGTATTGC AATTGAAAAA AGCTGGGCAC ATCGCGTTAA TCGGAAGTCC	1800
	AGGATATGGT AGAACAAACGT TCTTACACAA CATTATTTTC GATGTTGCAA GACACCATCG	1860
	TCCTGATCAA GCACACATGT ACTTGTTCTGA TTTCGGTACC AATGGTTTGA TGCCAGTTAC	1920
35	AGACATACCA CATGTCGCTG ATTACTTTAC AGTAGATCAA GAAGACAAGA TTGCTAAGGC	1980
	GATACGTATA TTTAATGATG AAATTGATCG TCGTAAGAAG ATTTTAAGTC AGTATCGTGT	2040
40	CACTAGTATT TCTGAATATC GAAAATTAAC TGGTGAAACA ATTCCGCATG TCTTTATTCT	2100
	TATTGATAAC TTTGACGCAG TAAAAGATTC ACCTTTCCAA GAAGTTTTTG AAAATATGAT	2160
	GATTAAAATG ACGCGTGAAG GGCTAGCATT AGACATGCAA GTAACCTTAA CTGCTTCAAG	2220
45	AGCTAACGCT ATGAAAACAC CAATGTACAT TAATATGAAA ACGCGTATCG CAATGTTTTT	2280
	ATATGATAAA TCAGAGGTGT CGAACGTAGT AGGACAGCAA AAATTTGCGG TTAAAGATGT	2340
	TGTGGGTCGA GCATTGTTAA GTAGTGATGA CAACGTATCA TTCCATATTG GCCAACCATT	2400
50	TAAACATGAT GAGACCAAAT CATATAATGA TCAAATTAAT GATGAAGTAT CGGCGATGAC	2460
	AGAATTTTAT AAAGGTGAAC ACCAAATGAT ATtCCTATGA TGCCAGATGA AATTAAATAT	2520
55		



EP 0 786 519 A2

	GGATTAGATT ATGAAGGTGT TACACTACAA AAAATTAAAT TAACTGAACC AGCAATGATT	2640
	TCATCAGAAA ATCCGAGAGA AATTGCGCAT ATTGCTGAAA TTATGATGAA AGAAATTGAC	2700
5	ATATTAAATG AAAAATATGC GATTTGTATC GCAGACTCAA GTGGAGAGTT TAAAGCTTAT	2760
	AGGCATCAAG TGGCTAACTT TGCCGAAGAA AGAGAAGACA TTAAAGCGAT TCATCAACTA	2820
	ATGATTGAAG ACTTAAAGCA AAGAGAAATG GACGGCCCAT TTGAAAAAGA TTCACTTTAT	2880
10	ATTATCAATG ATTTTAAAAC ATTTATTGAT TGCACGTATA TTCCGGAAGA TGATGTTAAA	2940
	AAGCTTATTA CAAAAGGACC AGAACTTGGC TTGAACATTT TATTTGTCCG CATTCAATAA	3000
	GAATTAATAG ATGCTTATGA TAAACAGATT GATGTTGCAC GTAAAATGAT TAACCAATTT	3060
15	AGTATAGGTA TTCGTATTTT AGACCAACAA TTCTTTAAAT TTAGATTTAT TCAACGAGAA	3120
	CCTGTTATTA AAGAAAATGA AGCATATATG GTCGCAAACC AAGCTTATCA AAAGATTAGA	3180
20	TGGTTTAAAT AGCAATGAAT TAAATAGGAG GGAGGTATGT TATGAATTTT AATGATATTG	3240
	AAACAATGGT TAAGTCGAAA TTAAAGATA TTAAAAAGCA TGCTGAAGAG ATTGCGCATG	3300
	AAATTGAAGT TCGTTCTGGA TATTTAAGAA AAGCTGAACA ATATAAGCGA TTAGAATTTA	3360
25	ATTTGAGTTT TGCACTAGAT GATATTGAAA GCACAGCAAA GGACGTACAA ACTGCAAAAT	3420
	CTAGTGCTAA TAAGGACAGT GTAAGTGTAA AGGGAAAGGC GCCCAATACG TTATATATTG	3480
	AAAAAAGAAA TTTGATGAAA CAAAAGCTTG AAATGTTGGG TGAAGATATC GATAAAAATA	3540
30	AAGAATCCCT CCAAAAAGCT AAGGAAATTG CTGGCGAAAA GGCAAGTGAA TATTTTAATA	3600
	AAGCAATGAA TTAATATTGA GGTGAAGATA TGGGTGGATA TAAAGGTATT AAAGCAGATG	3660
	GTGGCAAGGT TGATCAAGCG AAACAATTAG CGGCAAAAAC AGCTAAAGAT ATTGAAGCAT	3720
35	GTCAAAAGCA AACGCAACAG CTCGCTGAGT ATATCGAAGG TAGTGATTGG GAAGGACAGT	3780
	TCGCCAATAA GGTGAAAGAT GTGTTACTCA TTATGGCAAA GTTTCAAGAA GAATTAGTAC	3840
40	AACCGATGGC TGACCATCAA AAAGCAATTG ATAAGTTAAG TCAAAATCTA GCGAAATACG	3900
	ATACATTATC AATTAAGCAA GGGCTTGATA GGGTGAACCC ATGATGAAAG ATGTTAAGCG	3960
	AATAGATTAT TTTTCTTACG AAGAATTAAC AATTTTAGGT GGTAGTAAAT TGCCTCTCGT	4020
45	AAATTTTGAA TTGTTTGATC CATCAAATTT TGAAGAAGCT AAAGCTGCTT TAATTGAAAA	4080
	GGAATTAGTA ACAGAGAATG ACAAGTTAAC TGATGCAGGT TTAAAGTGG CTACATTAGT	4140
	CAGAGAGTAT ATTAGCGCCA TTGTAAATAT TCGAATTAAT GATATGTATT TTGCACCATT	4200
50	TAGCTATGAA AAAGATGAAT ATATTTTGTT AAGCCGGTTT AAAAATAATG GGTTTCAAAT	4260
	ACGAATTATC AATAAAGACA TTGCATGGTG GTCGATTGTA CAATCATATC CTTTATTGAT	4320

55

CTTAAATAAT GAAAGTATCG ATACGATTGG GCGTGTTTTA GAAATTGAAA TATACAATCA 4440  
TCAAGGTGAC CCTCAACAAA GTTTATATAA CATTTATGAA CAAAATGATT TGTTATTCAT 4500  
5 TCGATACCCA TTAAAAGATA AAGTGCTGAA TGTTTCATATT GGTGTCATTA ATACATT 4557

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 342:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3931 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 342:

TTGAGTGACT TTATTGAAGC GCGTGTAGAA GAAATATTCT TCGAAGTATT TGATGTTTTA 60  
20 CAAGATTTAG GATTAACAAA AGTAAATGGT GGGTTTATTG TAACTGGTGG ATCTGCAAAC 120  
TTACTTGGCG TAAAAGAATT ATTATCAGAT ATGGTAAGTG AAAAAGTTAG AATTCACACG 180  
CCATCACAAA TGGGAATTAG AAAACCTGAA TTTTCTTCAG CAATTTCTAC AATTTCTAGT 240  
25 AGTATCGCTT TTGATGAGTT ATTAGATTAT GTTACAATTA ATTATCATGa TAATGAAGAA 300  
ACTGAAGAAG ATGTTATTGA TGTGAAAGAC AAAGATAACG AATCTAAATT AGGCGGaTTT 360  
GaTTGGTTTTA AACGTAAAC AAACAAAAAA GATACTCATG aAAATGAAGT AGAGTCAACA 420  
30 GATGAAGAAA TTTATCAATC AGAAGATAAT CATCAGGAAC ATAAACAGAA TCATGaACAT 480  
GTTCAAGACA AAGATAAAGA TAAAGAAGAA AGTAAATTCA AAAAATAAT GAAATCTCTA 540  
TTTGAATGAT TATTGGCCAA TAAACTAGG AGGAAATTTA AATGTTAGAA TTTGAACAAG 600  
35 GATTTAATCA TTTAGCGACT TTAAAGGTCA TTGGTGTAGG TGGTGGCGGT AACACGCCG 660  
TAAACCGAAT GATTGACCAC GGAATGAATA ATGTTGAATT TATCGCTATC AACACAGACG 720  
40 GTCAAGCTTT AAACCTATCT AAAGCTGAAT CTAAAATCCA AATCGGTGAA AAATTAACAC 780  
GTGGTTTAGG AGCAGGAGCT AATCCTGAAA TCGGTAAAAA AGCTGCAGAG GAATCTCGTG 840  
AACAAATTGA AGATGCAATC CAAGGTGCAG ACATGGTATT TGTTACTTCT GGTATGGGTG 900  
45 GCGGAACCTGG TACTGGTGCA GCACCAGTCG TTGCTAAAAT TGCAAAAGAA ATGGGCGCAT 960  
TAACTGTTGG TGTGTAACT CGTCCATTTA GTTTTGAAGG ACGTAAACGT CAACTCAAG 1020  
CTGCTGCTGG AGTAGAAGCT ATGAAAGCTG CAGTAGATAC ATTAATCGTT ATACCAAATG 1080  
50 ACCGTTTATT AGATATCGTT GACAAATCTA CGCCAATGAT GGAAGCATTT AAAGAAGCTG 1140  
ACAACGTGTT ACGCCAAGGT GTACAAGGTA TCTCAGACTT AATCGCTGTT TCTGGTGAAG 1200

	GTATTGGTGT TTCTTCTGGT GAAAATAGAG CGGTAGAAGC TGCTAAAAAA GCAATCTCTT	1320
	CTCCATTACT TGAAACATCT ATCGTTGGTG CACAAGGTGT GCTTATGAAT ATTACTGGTG	1380
5	GCGAGTCATT GTCATTATTT GAAGCACAAG AGGCTGCTGA TATTGTCCAA GATGCTGCAG	1440
	ATGAAGACGT TAATATGATT TTCGGTACAG TTATTAATCC TGAATTACAA GATGAGATTG	1500
	TTGTAACAGT TATTGCAACT GGTTTTGATG ACAAACCAAC ATCACATGGT CGTAAATCTG	1560
10	GTAGCACTGG ATTCGGAACA AGCGTAAATA CTTCTAGCAA TGCAACTTCT AAAGATGAAT	1620
	CATTCACCTC AAATTCATCA AATGCACAAG CAACTGATAG TGTAAGTGAA AGAACACATA	1680
15	CAACTAAAGA AGATGATATT CCTAGCTTCA TTAGAAATAG AGAAGAAAGA CGTTCAAGAA	1740
	GAACAAGACG TTAATCGGTT AATATATATA CACAAATAAT TCAACACAAA TCATCAGATA	1800
	ACATATCTGA TGATTTTTTT ACTAATTTTT AGAACATGTA GAAGGACATT TAAGTTTTTC	1860
20	AAAGTTATTA AAAGTGTTTA AGTATCGTGT GAAAATTAAG TCaaaaatta TTTGCGCAAC	1920
	ATTTTAACTT TAAACATAAA TGTTATATTA TATAATTATT AACTTTGTAC AGTTAGACGA	1980
	AGATAATTTA AATGAAATGA TGGTGACGAT CGAGTGAATG ATAATTTTAA AAAGCAACCG	2040
25	CATCATTTAA TATATGAAGA GTTATTACAA CAAGGTATTA CTCTAGGTAT TACAACTAGA	2100
	GGAGATGGTT TAAGTGAATA TCCTAAAAAT GCTTTTAATA TGGCGAGATA TATTGATGAT	2160
	CGCCCATATA ATATTACTCA ACATCAATTG CAATTAGCTG AAGAAATTGC GTTTGATAGA	2220
30	AAAAATTGGG TGTTTCCCAT TCAAACACAT GAAAATAAAG TCGCTTGTAT TACAAAGGAT	2280
	GATATAGGCA CAAATATAGA CACTTTAACT GATGCGCTTC ATGGTATTGA TGCGATGTAC	2340
	ACATATGATA GTAATGTCTT ATTAACGATG TGTTATGCAG ACTGTGTACC AGTATATTTT	2400
35	TATAGTACAA AACATCATTT TATTGCATTG GCGCATGCAG GTTGGCGTGG TACCTATACT	2460
	GAAATTGTAA AAGAAGTGCT AAAACATGTG AACTTTGATT TGAAAGACTT ACATGTCGTT	2520
40	ATTGGACCAT CTACATCATC AAGTTATGAA ATTAATGATG ATATTAAAA TAAATTTGAA	2580
	ACATTGCCAA TTGATAGTGC CAACTATATT GAAACTAGAG GACGAGATCG TCATGGTATT	2640
	GATTTGAAAA AAGCCAATGC TGCATTATTA ATTTATTATG GTGTTCTTAA AGAAAATATT	2700
45	TATACGACAG CGTATGCTAC ATCTGAACAT TTAGAATTAT TTTTCTCTTA TCGATTAGAA	2760
	AAAGGTCAAA CAGGACGCAT GTTAGCATTC ATTGGTCAAC AGTAAACAAG GAGGAGATAT	2820
	GTTTGCGTGT GAAAGATAAT TTACAACAAA TCTCAACACA AATTAATGAC AAAAGTGAAA	2880
50	AAAATAATTT TTCAACAAAA CCAAACGTGA TTGCAGTTAC AAAATATGTT ACAATAGAGC	2940
	GAGCTAAAGA AGCGTATGAG GCTGGAATAA GACATTTTGG TGAGAATAGA TTGGAAGGCT	3000

55

AATCTCGAAA AGTTAAGGAC GTTATAAACG ACGTAGATTA TTTCCATGCT TTAGATCGAT 3120  
 TGAGCTTAGC CAAAGAAATT AACAAACGTG CAGAACATAA AATTAAATGT TTCTTGCAAG 3180  
 5 TGAACGTTTC GGGAGAAGCT TCTAAACATG GTATTGCTTT AGAAGATGTT GATCAGTTTA 3240  
 TAGATGATCT TAAAAAATAT GACAAAATCG AAATTGTAGG TTTAATGACG ATGGCACCAT 3300  
 TGACAGATGA TGAAGCATAT ATTAGATCGT TATTTAAACA GTTACGTTTG AAAAAAGAAG 3360  
 10 AAATACAACG ACTCAATTTA GAATATGCGC CTTGTGATGA ATTATCAATG GGAATGAGTA 3420  
 ATGACTATCT TATTGCAGTT GAAGAAGGTG CGACGTTTGT TAGAATTGGG ACTAAACTTG 3480  
 TAGGAGAAGA GGAGTGAGCC ACTTGGCTTT AAAAGATTTA TTTAGTGGAT TTTTGTAAAT 3540  
 15 AGATGATGAA GAGGAAGTAG AAGTACCTGA CAAACAACAA CAGGTAAATG AAGCGCCAGC 3600  
 AAAAGAGCAG TCACAACAAA CAACAAAACA AAACGCAATC AAATCAGTCC CTCAAAAATC 3660  
 20 TGCATCAAGA TATACAACAA CGTCAGAAGA AAGGAATAAC CGTATGTCTA ATTATTCAAA 3720  
 AAATAATTCA CGTAATGTTG TAACTATGAA CAATGCTACA CCAAACAATG CATCACAAGA 3780  
 AAGTTCAAAA ATGTGTTTAT TCGAACCACG TGTTTTTTCA GATACACAAG ATATTGCTGA 3840  
 25 TGAGCTTAAA AACCGCCGTG CGACACTTGT CAATTTACAA CGTaTTGATA AAGTATCAGC 3900  
 GAAAAGAATT ATTGATTTTT TAAGCGGTAC T 3931

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 343:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 3150 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 343:

AATTGTCGGG GGACTCTTAG GTTTTGT CAT GCAAAGAACA AGATTTTGT TAACAGGTGG 60  
 40 CTTTCGAGAT ATGTATGTGC AAAAGAATAA TAAGATGTTT TATGCATTAT TAATCGCTAT 120  
 TACTATTCAA AGTATAGGAT TATTGATTTT GACGGCAACA GATATTTTAC AAATTCCTGC 180  
 45 ACATAGTTTT CCAATATTGG GAACAATTAT AGGTTCTTTT ATTTTGGAA TTGGAATAGT 240  
 ATTGGCTGGA GGATGTGCAA CAGGtACTTG GTATCGCGCT GGTGAAGGGC TAATTGGTAG 300  
 TTGGATTGCA TTAGTATTAT ATGCTGTTAC TGCAGCAATC ACTAAAACAG GGATTTTAAA 360  
 50 GCCAGTAATG GATAAAATTA ATCAACCAAC GAATGTAAAT AGTGATATGT CTCAAACAAC 420  
 TGGCATTCCG TTTTGGGGAT TAGTCGTTAT ATTAECTATA ATCACCATT TTTAGTTGT 480

EP 0 786 519 A2

	AGGTATTAGA TATTACCTTT TCGAAAAACG ATACCATCCA TTTATTGCAG CAATTGTAAT	600
	TGGACTTATC GCACTCTTAG CTTGGCCAAT GAGTGCATCA ACTGGAAGAA ATGACGGTTT	660
5	AGGTATAACA ACGCCTTCAG CAAATTTAGT ACACTTTTTG ATTACAGGTG AAATAAATT	720
	TATTGATTGG GGTGTCTTTT TAGTTCTAGG AATTTTCATT GGTTCATATA TTGCAGCTAG	780
	AGGATCAAGA GAATTTAAAT GGCGATTGCC AGACAAGATT ACAATACGAA ACAGTGCCAT	840
10	TGGTGGCATA TGTATGGGAT TTGGTGCGTC AGTTGCTGGT GGTGTCTCTA TCGGTAACGG	900
	TTTGGTTGAA ACGGCAACGA TGACTTGGCA AGGATGGATT GCGCTAGCAT GCGATGATAG	960
	TTGGTGTATG GACAATGAGT CATTTTATCT TTGTTCTGTC AATGAAAAA GTACACCAAC	1020
15	AATCTGCAAA GGTAAACAG CAAACGCAAA TAGTATAGAA GATTATTATG CAAATGATGT	1080
	TGATCAAATA AAAGTGATTG GAAAAGGAGA AATAATTATG ATACACGAAT TAGGTACAGT	1140
20	AGGAATGGTA TGTCCATTTT CGTTAATTGA AGCGCAAAAG AAAATGGCAA CATTGCAATC	1200
	TGGAGATGAA TAAAAAATTG ATTTTGATTG CACGCAAGCG ACGGAAGCCA TTCCAAATTG	1260
	GGCTGCAGAA AATGGTTATC CTGTAACAAA CTATGAACAA ATTGATAATG CTTTCATGGAC	1320
25	AATTACAATT CAAAAAGTTT AACGTTATCA TTTTAACAAT AAAATAGATA TTAGATTCTA	1380
	TGGCTACTTC CGCTAATTTA AAAGTGAGTA AGTAGTCTTT TTTTTTTTAG TTCATGAAAT	1440
	CATTTTTATA TAGTGTGGCA CATTTTATTC CAAAAGATGT AATAAACTT AACGCATTTT	1500
30	TGCTTTTTAT AAATTGTCAG ATTATTATGA AAAAAAGGGA GTGGTAAGTA TGAATCTTAA	1560
	CGATACGATA TTTATGTTTT TGTGTACATT ATTAGTTTGG TTAATGACAC CAGGATTAAG	1620
	TTTATTTTAT GGTGGGTTAG TTCAATCTAA AAATGCGCTT AATACTGTCA TGCAAAGTAT	1680
35	GGCAGCAATT GTGCTTGTTA CATTTGTATG GATAACAGTT GGTTTTACAA TTAGTTTGG	1740
	GAATGGGAAT TTATGGTTTC GAAATTGGGA ATATACTTTT CTTAATCATG TAGGTTTGC	1800
40	GACTCAAGAA GATATTAGCC CACATATTCC TTTCGCTTTG TTTATGTTAT TTCAAATGAT	1860
	GTTTTGTACG ATTGCAATTT CTATTTTATC TGGTTCAATC GCTGAGAAAA TGAAGTTTAT	1920
	TCCTTATTTA TTATTCGTAG TAATATGGAC TGCTCTTGTA TACAGTCCAG TAGCACATTG	1980
45	GGTTTGGGGC GGCGGTGGA TTAACAACT CGGTGTATTA GATTCGCTG GAGGTACGGT	2040
	TGTTTCATATT ACATCAGGTG TTTCTGGTTT AGTATTAGCT ATTATGATTG GAAAAGGAAA	2100
	CAAACATTCT GAATCAACAC CACATAATCT TATCATFACG TTGAATGGCG GTATATTCGT	2160
50	GTGGATTGGT TGGTATGGAT TTAATGTAGG TAGTGCTTTT ACATTTGATA ATATTGCGAT	2220
	GCTTGCATTT ACAAATACTG TCATTTTCAGC CAGTGCAGGT GCTATAGGTT GGTTAATTTT	2280
55		



5   ATTAGTTGTC ATTACTCCTG CAGCAGGATA TGTAACATAT CTTAGTGCAA CAATAATGGC   2400  
      TTTAATAGGA GGTATCTGTT GTTATATTGT CATTAAATTAC ATCAAGGTAA AACTAAAATA   2460  
      TCATGATGCA TTAGATGCAT TTGGTATTCA TGGTGTTGGT GGTATTATTG GTGCTGTTTT   2520  
      AACAGCAGTT TTCCAAAGTA AAAAAGCCAA TCCTGACATT GAGAATGGCT TTATTTATAC   2580  
 10   TGGTGACATA CATATTATAC TTGTACAAAT ATTATGTGTA ACAGCAGTTG TAATTTTTAG   2640  
      TATAGTCATG ACGTTTATTA TTGCGAAAGT AATTAAATTa ATTACACCAT TATCTGTTAC   2700  
      GGAACAAGAA ACGAATATAG GATTAGACAA GATTGTTCaC GGTGAACATG CTTACTTTGA   2760  
 15   AGGTGAGCTA AATAGATTCA ATAAACATAT TCGATATTAG AATATATTTA CATAGAATAT   2820  
      TCATTGTCCT GACATTTAAC TAAAGGTTGA TGTTGGGACA TTTTGTTATA CAAAAGTTTT   2880  
      ATTTTGAAAT CTTTTTATGA AAGAAGCAGA AATATTATTT AAAGCGGTTA CACATATGCT   2940  
 20   AAAATAAGGC TAAGTGTCAC AAATAATGAT AGGTGAATAA GTATGAAAAA TATATCTGAT   3000  
      ATTGCCAAAT TGGCAGGCGT TTCAAAAAGT ACAGTATCTA GATTTTTTAA TAATGGATCT   3060  
      GTCAGTAAAA AAACAAGTGA AAAATTAACA AGAATTATAG CAGAACATGA CTATCAACCG   3120  
 25   AATCAATTTG CTCAAAGTTT AAGAGCGAGA   3150

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 344:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3719 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 344:

35   GTTATAGTGA AATTGACTCA TCACATTTCA CAGACCGTGA CAAACGCGTT ATTAGACGTG   60  
 40   ATCATGTTAA AGAAGCACAA AGCTTAGTAG AGAACTATAA AGATACACAA AGTGCTGATG   120  
      CTAGGATGAA AGCCAAACAA AAAGTTAACA CATTAAAGCAA ACCGCATCAA AACTATTTCA   180  
      ATAAACAAAT TGATAAGGTT TATAATGGAT TACAACGCTA ATCCAAAGTA AATTATAAGT   240  
 45   TATACATCTC GTTTTTAAAT GACAATTTAT CCCC GTAAAT ATTATAAATA ATCTTTTCAA   300  
      ATTCCACATA GATATAGAGA CACTAATAAA CCTCTTTGTC TCGATATGAT AGTCTGCAAC   360  
      GATTCATGTT GTAGGCTTTT TAATTTTACA AATAAGGCTA AATATATAAG TTCTGGCACC   420  
 50   TAAAATATAG AAAATACATA AAAGTAAGTA TAGTTATTTT ATTATAATTA TTAAATTTT   480  
      ATTAATTAAT TGTA AAAATG TATAATTATA ATTAATTAAC GTTTAATATT AAAATTAAC   540

	ATCGTTTCAA	TATTACTTAT	AGGGATGGCT	ATCAGTAATG	TTTCGAAAGG	GCAATACGCA	660
	AAGAGGTTTT	TCTATTTTCGC	TACTAGTTGT	TTAGTGTTAA	CTTTAGTTGT	AGTTTCAAGT	720
5	CTAAGTAGCT	CAGCAAATGC	ATCACAAACA	GATAATGGCG	TAAATAGAAG	TGGTTCTGAA	780
	GATCCAACAG	TATATAGTGC	AcTTnCAACT	AAAAAATTAC	ATAAAGAACC	TGCGACATTA	840
	ATTAAAGCGA	TTGATGGTGA	TACGGTTAAA	TTAATGTACA	AAGGTCAACC	AATGACATTC	900
10	AGACTATTAT	TGGTTGATAC	ACCTGAAACA	AAGCATCCTA	AAAAGGTGT	AGAGAAATAT	960
	GGTCCTGAAG	CAAGTGCATT	TACGAAAAAA	ATGGTAGAAA	ATGCAAAGAA	AATTGAAGTC	1020
15	GAGTTTGACA	AAGGTCAAAG	AACTGATAAA	TATGGACGTG	GCTTAGCGTA	TATTTATGCT	1080
	GATGGAAAAA	TGGTAAACGA	AGCTTTAGTT	CGTCAAGGCT	TGGCTAAAGT	TGCTTATGTT	1140
	TATAAACCTA	ACAATACACA	TGAACAACTT	TTAAGAAAAA	GTGAAGCACA	AGCAAAAAAA	1200
20	GAGAAATTAA	ATATTTGGAG	CGAAGACAAC	GCTGATTCAG	GTCAATAATG	CTCATTGTAA	1260
	AAGTGTCACT	GCTGCTAGTG	GCACTTTTAT	AATTTTTAGA	TCACGATATG	ATTTATTATC	1320
	AATTCAGAAT	TAAAAAAGTA	AATAGTATCA	AAAGTAAGTG	TATTTAATAT	TAGAAAATAA	1380
25	AAATTTTAAA	TTTAGTATTA	AAATGGAATG	TTACTATATA	GTTCAATGTG	TATTATCACA	1440
	GAAAATAAAA	TAATGCTTTA	CTTCTATATT	TAAAAGTGTA	TAATGAAAGT	TAAGTAATAA	1500
	AGAGCGTGAA	GAAAAATGTG	AGTTATTTAT	ATAGAATATT	CTCCTTTTCA	TTTATGAATT	1560
30	TGTTACAAAA	TATTTAGTGC	AAAAGCACGA	cGGAGGTATT	CAATATGaAT	AACGGTACAG	1620
	TTAAATGGTT	TAATGCAGAA	AAAGGTTTTG	GTTTCATCGa	AAGAGAAGAT	GGTAGCGACG	1680
35	TATTCgTACA	CTTctCAGCA	ATCGCTGAAG	ATGGATACAA	ATCATTAGAA	GAAGGCCAAA	1740
	AAGTTGAATT	CGACATCGTT	GAAGGCGACC	GTGGCGAGCA	AGCTGCAAAC	GTAGTTAAAA	1800
	TGTAATTTTA	ACTTATTCAA	ACAGTCCTTA	CTATAGGGCT	GTTTTTTTAT	GCTTTAAATC	1860
40	GATAACAGTT	GGTGTGGTAA	AAGCACTAGC	CGTTATTTTT	TTGTCCAATA	AATTTAGTTG	1920
	GAGATTTAAC	AATATATAAT	GGTTCTAAAA	TAAATCGAAC	TGATGGAAAA	GTTTTTTTACT	1980
	TTTCATCTGT	CCGACTTTTG	ATTTTGAATA	TAAAAAAGCG	CCAATACAGA	ACTTTAATAA	2040
45	TGACGAGAAT	TAAAGTCTGT	ATATGGCGAT	AACAAGAAGT	AATGTTA AAC	ACTCAAATG	2100
	TTTAACAATA	ATAGGATACC	ACATCGCATA	ATATCTTACT	ACTTAATTAA	TAATTTAACT	2160
	AATCAACTTT	TTGTTAATTT	TTTATTAAGA	CTGATTAATT	ATTGAGAATA	TTTATTGTTT	2220
50	TTAAAATCTC	ATAATAATTC	AGTAATCTTG	TTTTCATTTA	AAAGGCGAAA	CATTAAAATA	2280
	ATTAAATAAA	AATATTGCGT	TTAATTTACA	GCGTCAAATA	TACTTATTTT	TAATGCTTTG	2340
55							

ATTTCTGTGA GTATTTGGAA GCTACCATTA GGCAACGGTT TAACAATAGA CAATTGCTTT 2460  
 TCCGCTTGTT GTATTAAAA AGGTTTTGTA GATTGATTAT TAATATGCCA TTCACTCATG 2520  
 5 TATGTTTTTC ACTCCTGCTT TAAAATAGGG TTAGAAAGTT TATAGTTGAG ACATTCATGT 2580  
 TCAACCAAAA TTTTGTTGGA ATTCAATAAA TGTCTTGTTT AAAATAGAAA TATTGTAAAT 2640  
 GTTATCGTCC AAAACTTCAC CAGTTAAGTA TTTGTTTTGA ATTAAAATTT GGCAGTTAGT 2700  
 10 TAAGAAGTCT TGATAATCAC GATCGCAAAA ATAGTTTTCA CGTGCATCTT TAGCATCGCC 2760  
 AAAAAAGTTA GCGACTGTTT CTGTTTCTCC TTTATTCGAA CGTTCAATAT ATAATTTGTA 2820  
 AAATTTAGCT ATTGTATACT TTTGTTCTTT AGTTAGTTCA TTCAAAATAT TGGGCCTCCT 2880  
 15 GAAATATCAT TTGTAATCTA TACCCAATTT ATTGCAAAAC AAAAACTAAT TTAATTTT 2940  
 GATGAAACTG TGTTAATAAG CTMTAACAAG CCTTAGTTTG TATGGATCTA TAAAATTATC 3000  
 20 TTTAATTGCA TAGGGTGAAA TAATATGTAG TCCATAACTT TTAAGTATT TTTCACTTAC 3060  
 ACCAAATTTA TAAGCTTGGT AGATAATTTT AGTACAATAC GTAAATTTTT TGCTGTTCAA 3120  
 ATTTAATGTA ACTAGATAAC GATGATTGTG ATTCTCATAG TTTTCTTAA CCCATTCAGC 3180  
 25 CGCTTTTTTA CCTGCACCAG GATAGCTGCA ACGATAAACT TTCATCCAAT CATTTTGGCC 3240  
 ACTTGCAATA TTATATTTAA AAGATTCGAA GGATTGTGTA GTTGGTTTGT CGCCAGGCCC 3300  
 CTCAATTTGT AAAATCGTTT TATCATCAAT CGCGATACTA CAATGACCAA AAAATCscCA 3360  
 30 CATGACAGGG CCTTTTGTA CAATAATATC ACCAGTTGT AATTGGAATT TGTCATCTTG 3420  
 AATTTCTGAA TACTTATTAT CTGCAATTGT TTTTGGTGAG TTTATTGGGG ATACGACAAC 3480  
 GAATAATATA AGTAAAATTA TCGTTCGTTT AATATAGTTC ACTTAAAAGC TCCTTGTTGA 3540  
 35 AGAAATATAT GTAAATAGTC TTAAATTAGA ATTGTAATCT TTAATAAGCT TGtAAGACTA 3600  
 AAACATATCT TAAATATTAA AGTATGAGAG TGTGAAATGT CTATTAAGAA TnAAAAACAG 3660  
 40 TCTGAAACAT CATTGAGACG TTCCAGACTG GATATAAAAT GAATTTTATT TATAGCACA 3719

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 345:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1676 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 345:

TTGCGTTGCC GCACCAAGAT ATTGAATGCC TAGCGATTCC GAGTATGCAA ACTGAACGCA 60

	CTCTTTAATA CGCGTTATCG CTTTTTGTA	ATCTGCATCA TGATAACAAA TCATAACGCC	180
	ATAGCCACCT GCTGTCGGAA GATCATCTCC	CGGCTTAATT ACTAACGGGA ATTCCCAATT	240
5	CTTAATCTCG TTTTCGAATT GCTCAATTTT	TACAACTTTT CTTTTTGGTA AAAACTTCCC	300
	ATTTGTCCAT TCAGGTATTC TTGCTTTATT	ATTTAAAGCA ACAAATAACG TTTTATCTAA	360
	TGCATAATAT TGCTGATTCA AGATTGTTTC	ATCATGAATA TATTGAAAAT AAATCTTTTT	420
10	ATTTTCCTTA TGTGCCAATT GTTTGATCAA	GTTTTCGTAA GATTGCTGAT TGTAAATGT	480
	ATAAATTGAG TTCGGtACTT CCTTACCAAT	AACTTGAAAT AGCTGATGCA ATTTGTCTGT	540
15	CGCACTAGCT TCGTGAACAA TAACAGGTAA	TTGATTGCT ATTAATAACT CCCTACCAGT	600
	TAAAAAATTA GATTGATGTT CGTCCGGTTT	CAACCATGGA TTCGATATAT ACGAAGGTCT	660
	TGACGTATAG ACAACATCTT TGTCATATAA	ATCACTTAAC GTTAAGTTCG GCTCATTACC	720
20	ATTATTTGTC ATTACTTCCC ATTCCCTTTC	AAATGCGCAT GCTCTTCAAT AATGTCTTGA	780
	TAAACGTCTT GATTTGTAAT TAACTCTAAC	CCCATCAACG CCATTATTTT AGCGCCTTTA	840
	ATTAATGCTT CATCACCATG TACACTCGCA	GCCGCTTCTC TAAATCTATG CGTATGTCCT	900
25	ACTAAATTAC GTGATCCTAT TTTAATATGA	GGATGTATTG TTGGCACAaC ATgaCTTACG	960
	TTCCCTGTAT CCGTAGAGCC ATAACCAAAA	TCATCATCAA TAACTGCTTC ACCAACTTCT	1020
30	TCAGCATATT TAGCAAATAA ATCATCTAAT	TTCGGCGTTT TAATGAATTC ATTCACACCG	1080
	TTTGAATTC GACCAAATTC ATAATCACAA	CCAGTCTGTA TCGCAGCTCC ACGTGCGATT	1140
	TGATTTACTT TTTCTGTAA TATATCCAAT	TCTTTACGCG TCATTGCTCT AGTATAAAAA	1200
35	CGAGCATGTG TATAGTCTGG AATAATATTA	GCTGCTTTCC CGCCATCTAA AATCACACCA	1260
	TGCACACGTT GATCTTTTTT AATAIGTTGT	CGTAGTTGTG CTACACCATT AAAATAACTA	1320
	ATCATAGCGT CTAATGCATT TAACGCTTCA	TCTGCATTTT CAGAGGCATG AGCACTTTTT	1380
40	CCGTAAAATT TAACATCTAA AACATCCACT	GCCAAAGTAT CAATCGTTTT ATAAGTTTCA	1440
	TTTCCCGGAT GAATCATTAA GGCAATGTCT	ATTTGATCAA TCACACCAGC CTTGACATAA	1500
45	GAAGCTTTAG CGCTACCATT TTCCCCACCT	TCTTCAGCTG GACATCCAAG AACGACTACT	1560
	TTACCACCAA TTTGGTCAAT CACTTGCTTC	AAACCAATTG CACCAAGAAC ACTTGCAGTT	1620
	CCAATGATAT TATGACCACA AGCATGACCC	AATCCTGGCA AAGCATCGTA TTCTGC	1676

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 346:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1294 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double

55

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 346:

5 TACAGTAGGA ATCATAAAAC CTAATACAAC AAATACAAAA CCATTTAAGG CATAACTAAA 60  
 TGTGTTCCAA ATTTGATGGT AATTCATTTG TAGTTCCGTT TGTGCTCTAA TTAAACGGTC 120  
 10 GCGTTCTAAA CCATGGATTA GACCTGCGAT TACAACTGCA ATGATACCTG AAGCATGAAC 180  
 TTCTTCTGCT AAAAAGTATA CGACAAAAGG AGTTAATAAT TGAATAAAAG TTAAGGTATT 240  
 GTTATCTTTT AAACCTTTAT TAGCGGTAA GTCTATACGT ATTCTAACGA CAACGAATCC 300  
 15 AATAATTGCA CCAATAAGTA CACCTAGTAT TGTTGAAATG ATAAATTGTT CAACAGCTTG 360  
 GAATAATGAA AAGGTACCAG TTAATAATGC AGTAACAGCA ATTTTAAATG AAATGATACC 420  
 TGCTGCATCA TTGAGTAAAG ATTCACCTTC TAAATCGTC ATAGAACCTT TAGGTAATAA 480  
 20 TTTTCCGCGT GTAATAGCAG AACTGCTAC TGCATCAGTA GGACATAAAA TTGCTGCTAT 540  
 TGCAAAAGCG GCTGGCATTG GTAAGGCAGG CCAAATCCAA TGTATAAAAT AGCCAACACC 600  
 GACTACAGTT GCAAACACTA GTGCCATTGA CATTAAAGT ATAGGTTTAC GATATTCTAA 660  
 25 TAATTTTGTT CGAGAGACGT GGGTACCTTC CACAAAAGT AGTGGCGCGA TAACGGCAAA 720  
 CATAAATACT TCAGAATTGA ATTGGAAATC AACTTGTATT GGAATAATGA AAATAACGAC 780  
 30 ACCTAATGCA ATTTGAATAA AGGCAGTAGG AATTGTGGG AATCGATTAT TGATAACCGA 840  
 ACTAATAATC ACAGCAAAAA TAAAATTAA AAATGCTTCT AATAGTGCCA TACAATACTC 900  
 CTCAAAATTT TAATAGTTAA TATTTTATCA CTTTAAAGGC ATAATGACAT AGATATATTG 960  
 35 ATAAAATGAA GTTATTTTCA AAAAACTCT AGTATCGGTT GAACTGATAC TAGAGCGAGA 1020  
 TGTTTAAATT ATTGATTGTc ATATCTGAAA TGACCGCTGT CATTTTGTCTG TTGTTCATAC 1080  
 GCGAGCTTTT CAGCATTCGT TTTGTATTTT TtATAAAAGa AAAATAaAAA TATnAACCAG 1140  
 40 AATGGCGAAA TATAAATAGC TGCTCTTGtT TCGTCACTAA AGAATAATAA AATGAATACA 1200  
 AAGAAGAAGA ACGCTAGAAT AATGTAAGCA ATAGGCTTAC CACCAATCAA CTTAAATTTA 1260  
 45 CTGTTTTTAT GTGCCTCAGG ATGCTTTTTC AAAT 1294

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 347:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

50 (A) LENGTH: 1935 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

55



	ACATGATAAT GATGACGCTA TTAAAACACG TTTTTTATTT TTCATTGTTA TAACCTTCTT	60	
	TCGTATGATT GATATTTGTT GATATGTATC GACATGTGAA TAATATCACA AAAACAGAGA	120	
5	ATATATATTT AACTATTTAT TAAATGATTT TGTTAATATT ATTAAATACT TTATCCTCTT	180	
	TAAAAATAAT GTGTGTACAA AGTCATTAAT TTAGCAAATA TTTTTATTTA GTAGTTAATA	240	
	ACCATCGATT TGAAATTTAT ATATAATTAT TAGCTAAATA ATATCCTGCA TCTTTCTCAT	300	
10	ACAATTTACT ATAAATagC ATATCCGATA TCAGCGTTAA TAAGATCGTT GATACTAGmC	360	
	AGTTAATTTT ATAGAACGAA ATCAAATAAC ACACTACTTT CTGCATTTTA AATTATGTTT	420	
15	AAGAATCAnA ATTATGTTTA nATAAATATA TATACTACTT TGAAAGGTGT GAGCTTAATG	480	
	ACAACTTTTA GTGAAAAGA AAAAATTCAA TTACTAGCAG ATATTGTTGA ACTACAAACT	540	
	GAAAATAATA ATGAAATAGA CGTTTGTAAT TATTTAACAG ATTTATTCGA CAAGTACGAT	600	
20	ATTAAATCTG AAATTTTGAA AGTTAATGAA CACCGCGCCA ATATCGTTGC AGAAATCGGT	660	
	AACGGCTCAC CTATACTCGC ATTGAGTGGT CATATGGATG TTGTTGATGC AGGAAATCAA	720	1
	ATAATTGGT CATATCCCCC TTTTCAACTG ACAGAAAAAG ATGGCAAATT ATATGGCCGA	780	(
	GCACCTACAG ATATGAAAGG CGGTTTAATG GCTTTGGTCG TATCTCTAAT CGAATTAAAA	840	25 (
	AAACAAAATG AATTGCCTCA TGGAACGATT AGATTACTGG CTACTGCTGG CGAAGAGAAA	900	(
	AAACAAGAAG GTGCCAAATT ATTAGCTGAT AAAGGCTATT TAGACGATGT CGATGGCTTA	960	30 (
	ATTATTGCTG AACCAACTGG ATCTGGAATT TATTATGCAC ATAAGGGGTC TATGTCATGT	1020	1
	AAAGTAACTG CAACTGGTAA AGCTGTCCAT AGCTCAGTTC CATTTATTGG TGACAATGCA	1080	1
	ATTGATACAC TGCTTGAATT TTATAATCTA TTAAAGAAA AATATTCAGA GCTTAAACAA	1140	35 1
	TAAGATACTA AACATGAATT AGATGTTGCG CCTATGTTCA AATCATTGAT TGGAAAAGAA	1200	(
	ATTTCTGAAG AGGATGCAAA TTATGCATCT GGTCTTACAG CTGTATGTTT GATTATAAAT	1260	1
	GGCGGcAAAC AATTAACTC TGTACCAGAT GAAGCTTCAC TTGAATTTAA CGTAAGACCA	1320	40 (
	TTTCCTGAGT ATGATAACGA CTTTATAGAA TCGTTTTTCC AAAATATCAT TAATGATGTG	1380	(
	GATAGCAATA AGCTTTCCTT CGATATTCCA AGCAATCACC GACCTGTAAC AAGCGATAAA	1440	45 (
	AATAGCAAAT TAATTACTAC GATTAAAGAT GTAGCTTCTA GTTATGTAGA ACAAGACGAA	1500	1
	ATATTTGTTT CAGCGCTTGT AGGCGCAACA GATGCCTCTA GTTTCTTAGG AGATAATAAG	1560	1
	GACAATGTTG ATTTAGCCAT TTTTGGACCA GGTAATCCAT TAATGGCACA TCAAATCGAT	1620	50 (
	GAATATATTG AAAAAGATAT GTATCTGAAA TATATTGATA TTTTAAAGA GGCTTCCATT	1680	(
	CAATATTTAA AAGAAAATA AGAACGATGC TGTCAGCTGC CCTATTCGCG TGCTGGCAGT	1740	(

TCAAATATCA ACAAGCACAT TTTCATTGAT TAAGTGATGT AAAACTGAAA TTATTGTGCT 1860  
 GATTTGTCAT ACATATATTG ACTAATGGGC ATATAAAAAG ATAGCCTCTA ATAGTnACAT 1920  
 5 AAACTCGTAA AAnCC 1935

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 348:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

10 (A) LENGTH: 1351 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

15 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 348:

CCTTTnCCCTA AACAATTTTT AGATTTAGAC AACAAACCGA TTTTAATCCA TACATTAGAA 60  
 20 AnATTTATTT TAATTAATGA TTTTGAAAAA ATTATTATCG CGACGCCACn ACAATGGATG 120  
 ACGCATACGA AAGATACACT TAGAAAATTC AAAATTTCTG ATGAAAGAAT TGAAGTCATT 180  
 CAAGGTGGTA GCGATCGTAA CGATACAATT ATGAATATCG TTAAACATAT TGAATCAACA 240  
 25 AATGGTATTA ACGATGACGA TGTCATTGTG ACACATGATG CAGTTAGACC ATTTTAAACG 300  
 CATCGTATTA TTAAAGAAAA TATTCAAGCT GCTTTAGAGT ACGGTGCAGT AGATACAGTG 360  
 ATTGATGCTA TAGATACGAT TGTTACATCT AAAGATAATC AAACGATTGA TGCAATTCCA 420  
 30 GtGCGTAATG AAATGTACCA AGGTCAAACA CCTCAATCGT TTAATATTaA TTTATTAAAA 480  
 GAaAGCTATG CACAGTTGAG TGATGAGCAA AAGAGTATTT TATCTGATGC TTGTAAGATT 540  
 35 ATTGTAGAAA CAAACAAACC GGTTCGACTT GTAAAAGGTG AGTTATATAA CATTAAAGTA 600  
 ACAACACCTT ACGATTTAAA AGTAGCGAAT GCTATTATTC GAGGTGGTAT TGCCGATGAT 660  
 TAATCAAGTA TATCAATTAG TTGCACCTAG ACAATTTGAA GTTACGTATA ACAACGTAGA 720  
 40 TATTTACAGT GACTATGTCA TTGTACGTCC TTTATATATG TCAATTTGTG CTGCCGATCA 780  
 AAGATATTAT ACTGGTAGCC GTGATGAGAA TGTCTTATCT CAGAAATTGC CAATGTCTTT 840  
 AATTCATGAA GGTGTTGGTG AGGTCGTATT TGACAGTAAA GGTGTGTTTA ATAAAGGTAC 900  
 45 AAAAGTAGTT ATGGTACCGA ATACGCCGAC AGAAAAAGAC GATGTCATTG CTGAAAACCTA 960  
 TTTAAAATCG AGCTACTTCA GATCAAGTGG ACATGATGGG TTTATGCAAG ATTTTGTGTT 1020  
 50 GCTAAATCAT GATAGAGCTG TACCACTACC TGATGATATT GATTTAAGTA TTATTTTCATA 1080  
 TACAGAGCTT GTAACAGTAA GTTTGCATGC TATTCGTCGT TTTGAAAAGA AATCTATTTT 1140  
 AAATAaAAAT ACATTTGGTA TTTGGGGTGA TGGTAACTTA ggTTACATTA CAGCCATTTT 1200

55

GAGTCACTTC TCATTTGTTG ATGATGTCTT CTTTATTAAT AAAATACCTG AAGGCTTAAC 1320  
 ATTTGATCAT GCATTTGAGT GTGTGGGTGG T 1351

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 349:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 411 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 349:

TCATCAAGTC TACGATAAAT TAAGTCCATA TCTAAAGGCT CGGGGTCGAC AGTTTGTAAG 60  
 GTATAACCAA CTGCACAGTG GCTACAACGC ATATTACAAA GATTTGTAGT TGTAATTCG 120  
 ATGTTACTTA AAGTTAATTG GCCATGTTCT TTAACATCGT TATATGCTTC CCATGGGTCG 180  
 TTTTGAATAC TTATTTTAGG CTTGTTATTA CGCATTTTAT AAACCTCCTTA ATTGTTATTT 240  
 GATACCAATT TGATACCGTT TAATCAAATA TGCTCATAGC TTGATGTTTT TTATCAGTAT 300  
 ATAAATGAGA GTACGTTTGA ATTGTTTCTG TAATGTTAGA ATGCCTCATT AATTCATTA 360  
 ATAAATACAT ATCTACACCA TTATTAATTA AaTAGCTAGC GTACGAGTGT G 411

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 350:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1639 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 350:

TCATTTTCAT AGGTTATTAC GCAGATCAGC ATAATAATCC ATTCCATATG AGTcCTTATT 60  
 TTGGTTATGC AGCACGTCTA TTGGCAACAA GTGGCATTGA CTATACGTAT GTAAGAATGG 120  
 CAATGTACAT GGATCCACTT AAACCATATT TACCAGAATT GATGnATATG CATAAACTGA 180  
 TTTATCCnGC TGGCGATGGT CGTATTAATT ATATTACTAG AAATGATATT GCTAGAGGTG 240  
 TCATTGCTAT TATTAAAAAT CCAGATACTT GGGGCAAACG CTACTTATTA TCAGGCTACA 300  
 GTTATGATAT GAAAGAACTT GCTGCAATTT TATCTGAGGC ATCaGGCACA GAAATTAAAT 360  
 ATGAGCCCGT TTCATTAGAG ACATTTGCAG AAATGTATGA TGAACCTAAA GGCTTTGGTG 420  
 CATTATTGGC ATCAATGTAC GACGCAGGAG CAAGAGGACT ATTAGACCAA GAaTCCAATk 480

TTAATAATAA AGGAGCGTTA TAGTGAATAT CATCTCAACA ATTtTAATCA TATTTGTGGC 600  
 ATTAGAGTTT TTCTATATTA TGTACCTTGA AACGATTGCT ACAACTTCCA AAAAGACTAG 660  
 5 CGAGACATTT AATATAAGCG TCGATAAATT GAAAGACAAA AATATTAACC TACTTTTGAA 720  
 GAACCAAGGC GTATATAACG GTTTAATCGG AGTTTTGCTA ATATACGGTT TGTTTATCAG 780  
 CAGTAATCCA AAAGAAATAT GCGCAGCTAT TTTAGTGTAT ATCATTGGCG TTGCTATTTA 840  
 10 TGGTGGCCTT TCAAGCAATA TTAGTATCTT TTTCAAACAA GGCACATTGC CAGTATTGGC 900  
 ACTCATATCA ATGCTTTGGT AAGTATTGGT GTTTGGGGGG GTGGAGATGT AGTCGGAGGT 960  
 15 TTGGAGGATT TGAGCGAATT GTGTGTGGAC TTTAGACTCA GAGTATTTCA TCCTAATTAT 1020  
 TTCAAGCAGA GGTGACAGTA GCGTTGCCTC TGTTTCCTTA TAAAAAATT ATTTAATGAA 1080  
 GAAAACCCAT ATCTGATTTA ATTTTCAGCT GATAAATACT CCATATATTA GAATGGCTAC 1140  
 20 TTTATCTATT GCATCAATCC TTTAAAACAA AAAACCCATG ATTTGGAAT TCCCGTATGA 1200  
 TGGGGTTCCT ACTCTCATGG ATCAGTTAAA TAAATATTAT CACTATCAGT TTATTATTTC 1260  
 AATATTATTA ACAATATATG TAGTCGTAAA AGGAAAGAGG ACATGAGAAC TTCGGTGTG 1320  
 25 ATTGGCATT AATAACGCTT CCAAACATAT TATTTGGTAA CAATAAGAAA CTATTTACAC 1380  
 AATATATTTT GTATAGTAAA ATTATTTTAT AATATTTAAA TCCAATTGCA CAAGGAGTGA 1440  
 30 TTATCaTGGT ACCAGAAGAA AAAGGTTCTA TTAATTGTC AAAAGAAGCA GCTATCATAT 1500  
 TTGCAATCGC AAAATTCAAA CCATTTAAGA ACAGAATTAA AAATAACCCA CAAAAACAA 1560  
 ATCCATTTCT TAAATTACAT GAAAACaAAA AATCTTAATC ACTTTtATTT ATAGcATTTC 1620  
 35 TAATCTCAGA AATGCTATA 1639

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 351:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 40 (A) LENGTH: 1816 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 351:

AAAATCGCAT ATAGTAATAT GAATAACCAG ATTGTATCTA CAAAAAGTA TATTGAAAAA 60  
 50 CCAAGCGCAC CCATTAATAA TGCGAGAATA ATAATAATTT TTCTATTAAA GTGATGCGTA 120  
 TCCGAAAATC TAGCAATAAT TGAATTTACT GTAAACTGGC TAATCGCTGC AGATGCTAGA 180  
 AGTAATCCAT ACTGATTTGT TGTCATACCT AAATCTTTAG TTGCAAAAAG AACAAAGATAT 240  
 55

TTCTyTATTT GTAAaTAACGC TGCAAACATA TCCATAACCC CGCTTCTTAG AGCCCCTTTT 360  
 AATTnATnAA TTAGGGGCTC TTATGCAGTT GGTGCATTAG CAACCAACTG TATTCCTTTG 420  
 5 TCCCCTTTTA ATTTATTaAT TAGGGGCTCT TTTGCTGTTG GTGCATTAGC AACCAACTAC 480  
 GTTCAATTTA ACCGAATAGT TTAAaATTAA ATACAAACCT TAAATTAGTC TAAAACTACG 540  
 CCTTTGGTTG TTCAACAAAG CTCGCCATGA GATTTACAAA AGAATCAACT TGTGGCAATT 600  
 10 GCAACATGCT CGGATCATAA CTCATAAATG TCGAACGAAT CAGCGGTTCA TTATCAATTT 660  
 CTACTTTTTTC AAaCTCAAAT TGTTCCTTGC TGATATTTTT CATCATAATT TCTGGCAAGA 720  
 15 TTGTAACACC TACACCACTA ATCAACATTT CTTTGCAAGT TGCTACTTGA TCCACTGTAA 780  
 TAGTTGCATG GTAATCTTGT TCTAAATTAT CGTTATACCA TTCTTTTATT TGATTTATAT 840  
 AAATCGGATC AGCTTGAAAC TCTATAAATG GTAaCTTTGT AACATCATCT CGTCTATTTT 900  
 20 TTGGAAAAAT AAAATAATGA TCATCATTAA ATAAATGTGT GTTAGCTAAA TTCATTACCT 960  
 TATTTCCACG AGTTATCATA ACATGATAAT CTCTATGATT TGCTTTAATT TGTTCAAGTG 1020  
 AACCAACTTG CACTTGTATT TCAACATTAG GAAATTGGGC ATTATATAGG CTCAAAaCTT 1080  
 25 CAGGAAGTAA GGTTTGTCCA ATCAAAGAAG AACACCCGAT TGATATTGTT CCATTCACTT 1140  
 CACCAATATG TGCCTGCATT TTGTCAAAAA ATAATCGCTC TCTTTTCAAC ATGTCACGAG 1200  
 CATGCTCAAT AATCATTGTT CCTTCAGTTG TTGTAATCAA TTGTTTTTTT GTTCTGATAA 1260  
 30 AAATATCTAC TCCAAAAGCA TTTTCAATAG CTTTTAGTCT TTGTGTAACA GCAGGTTGAG 1320  
 ATATATATAA AATTCAGCC GCTTTACGTA ACGTTTTCGT TTCGTCTAAT GTTATTAGTA 1380  
 35 AACGATAGTC TTCAATCTTC ATAATTTCCC CCCATAAATT ATTCAATTAT TGAaCTTTCA 1440  
 TGGCTACAAG CATTCAAGAG TTCATTACTA ACGAATAATT TCACCAATTT TATTGGTATG 1500  
 GCTGCAGCTT GAATTACTTA GTTTTTCTTT TGTTGTTGGT GATTTTTAGT TTGATTATAT 1560  
 40 TGCTTAGGCT TTATTTGTTT GCTTTTTTCA ATATTAGTTT TATTTTGTGG CTTTGTATGA 1620  
 TTTTTTTGAG CCTTTGCATT AATTTTATTA AAGCAGTACA TGATTTTCTT TTGGAATCCT 1680  
 TTAAaATCAT TTTCTAACTC TGCCATAATT TGATGTGCAA TCATATATGC TTCATGAAAT 1740  
 45 TGCTTTTTTG TAATTTGCTC ACTTTCTAAT GCAAACATTA AATCATCTTC ATCTACCAAC 1800  
 TCATaTcACC ACTTGG 1816

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 352:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 9956 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

55



(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 352:

5	GCGTTGTCGT CGATGATTAA TAAAGTATGG GTATACCATT AAGAATAACG CTACCCAAAT	60
	gAkTGCTAGT GACGTGCCGC CAATGACATC TGAAAAGTAA TGTGCATGAA AATAAAGGCG	120
	ACAAAATAAT ATGCTAAGCC ATAATATTCC CATAACCAAC GCACTCAACA CTTTGTAT	180
10	TGTCTTAGCA GCAAGTGAAA TAATAATGAT CATTAAAGGCG AAATATAATA ATGTGCTGGC	240
	GTTGGAATGT CCACTCGGAA ATGAAAAGCC TGTATCAACG GCTAAATGAT TATATGGTCT	300
	TGGACGTAAT ACAGTATCTT TAATTAATTT GTTCATGATG ACACCTGAAA CCAAATATGT	360
15	CACAAACCAA ACCGCTAAAT GCCTCTGTTT AATAAACAGT ATGATTGTGA CGATAATGGA	420
	AATCAACACG ACACCTTTGA CATCTCCAAT TTCCGCACTA AACGTCATAT AGTAATTAAA	480
	CAAATTGTTA ACATACTGAC GTTGTGGCTC ACCGAAATAA TCTGTAAACC ATGTTAATGA	540
20	TCCCATATCT ATATTTTAA GCCATTCTTG ATTTGTCAC TACTGTAAA ACATACCTAT	600
	AAATACAATC AGCGCGATTA AAAATAAAGG CACTGTcATT TTCGGTGATG TTAATTTTTT	660
25	ATCTATCATC TTACAATCTC CTCGTATCAT CATTTCATT TTACAAATGT TATCCATAAT	720
	ATCAATGTGC CACAAATTC ACTTTACCGA CAATATCAAA ATTATAAAGT TCATATTGTT	780
	ATGTATATTG CAAATAAAAC ATTGTATAAT TGAAATAACA ATATTTTGCT ATTTTCAATT	840
30	TAGTACGATT TATATTTATT ATACAGAGGG GGTAAGGCGT ATCAATAGAG TTATTTTGT	900
	CTATATAGCG TTAATCATT CATTAGTTAG ATTCTTTACC CCTATTCATC CATCATTTTC	960
	AAATTTGATT TACTGGATAT TTGTATTATA TTTTATTCCT ATTATACTAT GCGTTATCGG	1020
35	TTTCAAGGCC GAAAACTTA TTGCAACAAT GGTCATTATA CCTAATTTT TAGGAATACT	1080
	TTATCGATTA TATGCCTACG TCACACATAT ACTCTTTATG TAAAAGGATA GTGGGCATGT	1140
	CTCGCAACAA ATATGCTTGC GTCGACTTGT CACCATTGCG AAATTTTATG ACATACGCCT	1200
40	TTACACGGGCT ATATTCAGAC CCACGCATTC ATCCACGTAA TAAACACATC ATGTAATAGA	1260
	AAAACAGCAC ACCCAAATAT ATGGCGTTGC GCTGTTTAA CAAGCATACT TCTATAGCTT	1320
45	TAATAAGCCA GCAGAAGCAT ACCTAACCTT CTAAATATG CTTTTCCAAA TTATCCTCAA	1380
	GTTTGAATAC GATAATACGT TCACCTGTAA CTGTACTTAA ATCACTATGG AAGCTCATCA	1440
	CTTTGATACC TGTAATTTTA AAAATGATAT CATTCAAATC TTGCTCACCG GATTCAACTA	1500
50	ATTCAGAACG TGTTCGTTTA ATATTTAATA ATCCTTCATT CGTACTACAT ACACGATATT	1560
	CAGCTGGCGT TAAGATACCT TGTAAGCTAA TAATCACCAT ATCTCTTAAA ATGTCTGATT	1620

55

	TTTCAGCTTC	GATTTACCT	TTCGTTCTTT	TCATATCACT	AACTCCAATA	ATATTAAAAT	1740
	TGATTACTTC	ATCTTTGTAT	CGTTATCACG	ACATCAACTA	TTACATTAAG	TTTATCATTT	1800
5	TTAGTATATT	TTAAGAAGCT	AGAACATTGT	AGATATGATG	ATATATTAGT	TACTTAGCAT	1860
	CGCAACATAT	CATCGTTAAA	TCCAACCTTT	AAAACGCCCT	TCCTCATTA	CGCTCATTA	1920
	ACGCAGCCAA	TGATTAGACA	CCTTCCTAGC	GAAATGCTCA	TTATTCGCGA	GTAGTCTTGC	1980
10	TACAACATAG	TCGGGTGCCT	GAATAACGAC	AAGTAAACGA	ATTGGCGAAT	GATACATCGT	2040
	CCGATCAGCA	GCCATAACAG	ATTGCCATGA	TAAGCCATAC	ATCAGATCAC	TCGCATTACC	2100
	TTGCATGACA	CCAACACCTG	ACGTGACGGT	TTGTGTGCGT	TTATTCCCAC	TTCCGTAAAA	2160
15	ATGCGGCGCA	ACTGTGACG	CATAATATTG	TAAATTAATC	CATTGTGCCA	CAAGTGCCGG	2220
	ACCAGAAATG	ATGGTATTTA	ATAATGTGCC	ATCTTTATCT	TTACGCCAAT	CATAATTGTG	2280
20	TAAAAATGTC	CGCCCTTCTA	AATCAATGCC	TTTTGTAAAT	TGGCGTCGTC	CAATTATAAA	2340
	TGATGCATTT	TTAGCCAATC	CCCATTCTGG	ACGTACCTCA	CTCCAATCAC	TCGCAAACCG	2400
	CTGCGCTTCT	TCCACTGGAT	GATTCACACG	ACCAATCGTT	GGCAGTTTGT	CCAAACGTTC	2460
25	GCGATTGCG	TGTCAGAAA	TCATCGGCAT	CGCGTCATTC	AATGATTCAT	ATGCATCTAA	2520
	AGCAATAGAA	GATAATGTGT	CTGGCACATA	TACCCATGCC	AACGTATCAG	TAGACGTATG	2580
	ATGTTCTGCT	ACCGCAAAAA	CAGTTGTCTC	TGGAATATAC	ACACCTGATT	GTTTTAATCC	2640
30	TTGTCTGACA	TTTGGACGAT	TACATATCAT	CGCTAATAAC	TTAGCATTA	AACCGCTTGA	2700
	TGCGCCACCA	CAAGCCCCAC	ATTCAAGTGA	TGCATGATGT	GGATTATTGT	GAGAATGACT	2760
35	AGCATGACCT	GCTAACACAA	CGAACGGCGC	AAATGCTTCG	GTAAATCCA	TCAATTTCAA	2820
	CGCTTGTAAC	GCGAAATCAA	TTTGCTCTTG	CTCAGTAAAT	CCAACAGGTA	AGTCTGATGT	2880
	TCGGTCAAAC	TCACGATCAA	TCGTCAACTT	TGTTTCAGGC	TTTTTCAACC	ACTTTTGTTT	2940
40	TATTTTTTGT	AAAGACGCGC	GACTTTTTCT	AGGCATAATC	GAATTGACAA	TGGTACTTAA	3000
	GCTTAAAAAT	GGCCCACTTA	ATTCAGGCAA	TAACAGACTA	GGCATGACAT	TATTTTTTCAT	3060
	CAATTTAAAT	GTGTAAAACA	TCGATGACAT	TGTCTGTTGC	TGTTGTGCGAT	AAACATTCAT	3120
45	ATCGTAGCGG	TCTGCAAATT	CTTTAATGCG	ATATGCCGGC	GGTACCATGA	CAGGTAATGA	3180
	ATCATGTTTG	AATTGTTTCGT	CTACGGCATC	TTTTTGAATA	GGTAATCCAA	AGAAGCCTGC	3240
50	AATACCAATC	GTTTCAAAGG	GCCCTGCTGC	TCGATATGT	CTACGAAATG	GTTCTGAACG	3300
	AACATCTATA	CAAATGCAA	TTTGCCTTT	CGTTGATGTG	CCCATCTGAT	TTAGCTCGCT	3360
55	ATTATTTTCA	TCAACTGCTT	GTGTGTCATT	TAACAATACT	GAATGTGGCT	GATTAGCGTT	3420

	TGCTTTAATT TTTTGTTTTA ACTGAGATTC GTATGTCATT TCCCAGGCAA TTAGCCATAA	3540
	ATTTTAAAT ACATTTTAT TCATAGTTGC TGCAAAATGA ATAAACGTTT GAATTTTCATT	3600
5	GACGTCATGT TGTAGTAATA CATCGCTAGG CATATCACTG TAGTAACACC ATGATGCAAC	3660
	AGTTTGCTTA AACCAATTTT CCGATCTACT TTCACAATCT TTAGCGACTG ACTTAAACTC	3720
	ATCACCAACT AGCAATTGTT CGACAATAA CCGAATTGCC AAATAATCCG TTAACAAATG	3780
10	TTGTTCAAAG TGATGCTGTT GTGAACGGTA ATACAACATA CCTGCCCAAC CCGGTAACGC	3840
	CAAAGATGT CCTTCAACAT AAGCTTGGTA GTCTTCCTGA TCTATTGAAA AATGAGTTAA	3900
	TACTGACTCT ATCGTCATTT CAGGATCATT GGGTAAGCCT TTAATCACTT GGCGCTGTGC	3960
15	TTTAGTAAAA CTATGGTCAT GTTGCGCTAA ATGCAACCAT GCATGGTAAA AACTTTGCTC	4020
	ACGCTTCGGC ATTGTCCAAC TCGATAGAAA TTGATCGATA TAAAGTTTCG TCCATTTAAT	4080
20	CATTTGACGA TTCACTTGTT CGCTAAGTGG CTCACCTTGT TCATCTATTA TTGCATCACT	4140
	CATCGGACGT ACATCATAGT GATGATATGA TTCAGCCATA TCACGTTTTG ATTTTCTAA	4200
	TAGTAGATCA GCAACAACAT CAACATTTGA ATGATTCATA TATGATGCAG GTACGTCTTT	4260
25	TAATGTTTTA ATGTTATCAA TATAAGATT GATGTAGTGT TGCGGGATAT TGTAGTGATG	4320
	TTCAAGTAAC ATATCAGTAA CAAGTTGATT AAAGACACTT TCATCTAATT CACCACGTGC	4380
	CACAGCGCTT TCTATTAATG CTTTATTTGG GAAAATATCC ACATCTCGAA CATCACGTAA	4440
30	CCATTTTGCG ACATCTTCAA ACGTATCCGC TTCTAATCCT TCCCATGGAT TTCGTGCTGC	4500
	AAAAATCGAA ATTGGTGATA ATGGTGTAAT AACACGTTTC GCATTTTCAA TGACTIONATT	4560
35	GATATTTAAC TGTGTTGTCA TACCTTTCAC CTCCTATAAA TACTTCTTCA AATAATTCGG	4620
	ATGACTTTCT ATCGCTTTCG AGCGTGCTTC ACCTAGATTA ACTAACCACA CGTACAATAC	4680
	CGCAAAAGCC TTAGAGTATC GATGCCGCGC CACCCAAATA CTTAATAAAC TGCCAAAGAT	4740
40	TAAAATAACA AACTAATGA TGACACTCAC TGTAGGCGGC GTTGTCGCAT GTGTTGTTAT	4800
	ATTTTGTAAT ACAGCGTAAA AATAATTATG TGTGATGACG TAGATAAATG TCACGATTGC	4860
45	AATCAAAATC ATACCAACAA GACGTGCCAT GCGTCCTTTA CTAAAGGCTA CCATTTGATT	4920
	CCAAGATACA AGTAATGACC ATCCTAGAAT GAGTGCACTT AACACTTCAT ATGCACTTCT	4980
	GTCACTACTC ATCCAAAATA GAAATGCCAC GATAATAGCT AATACACGTC CCATGACAAT	5040
50	CCAGCCATAA GCGTCTTTAG CAGATGCTTG TTTTGGAATA TTGAATCGCT TCACGATAGA	5100
	ACCTGATTGT AAAAATAATG TTGCTTTAAA AATACCGTGC AATATTAAAT GAATAATCGC	5160
	TGCTGAATAT ACACCCAATG CACATTGAAC TAACATAAAG CCCATTTGAC TCATCGTAGA	5220

55

	AGAAATACTA	GAAAGGATAA	GTAATAATGA	TAACGCAAAT	CCATTATCAA	ATATCGGCGC	5340
	AAAACGAGTT	AGAATAACAC	CACCTGCATT	CACAATTCCT	GCATGCATAA	TTGCCGATAC	5400
5	TGGCGTTGGT	GCCGTTACAG	ATTCAATCAA	CCATCGATGA	AAAGGAAATT	GTGCTGCCGG	5460
	TATCATGACA	GCTAATACAA	GTAGTACATT	CGTCAACAAT	GACCATGTCTG	GATGAACTAT	5520
	ATGTTGTGGT	ACCCGCCACT	CGCCAGTCGC	AATATAAATA	GTTACAATTG	CTCCAACGAA	5580
10	TGCAAGCCAA	CCACATAAAA	ATGTCATGCT	TGATAATTTT	GCAGACTCAC	GTGGCACTTT	5640
	CCAAAAACGA	TTAACGTTCA	TCAGCAATGT	TAAACATAAT	AATGTAATAC	CCCAGCAGAG	5700
15	TGCCATCAGT	CTTAAGTCTT	CAGACATCCA	TGCTAAAGAT	GCAAACGACG	TAATCGCAGT	5760
	GAACAATGGA	AAGTAATGTC	TATAATGATG	ATCACCTAGT	AAATATCGCA	TTGAAAACCT	5820
	TTGAATAATA	AAGCCAAGCG	CCATTACAAA	GCCAGCTAAT	AACCAAGATA	AACGATCTAT	5880
20	TTTAAATGGA	CCTAAGACAT	GTTGACCATG	AATACCGAAA	AAGCCAATGA	CTGCAAATAA	5940
	TACTGGCATG	ACTAGTATGT	ATAAATGTAA	TTAATATAT	CTCATTGGCA	TAAGTGGTGC	6000
	TAAAAACAAC	AAGCCACTTA	TCAATGCAAT	GATAAGCGCA	ATAACAAACA	GTGAAAATAG	6060
25	CAATTGAAAA	CTTAACACTG	CATAACCTCC	TTATTTCTAA	TCTCTCGCAT	AATTGCTTAT	6120
	GTATAAAAAT	AAAAACCTAC	AATAGTAGAT	TCTGTACATA	ATGGCAGAAA	ATTTACTATT	6180
30	GCAGGTTTCA	GTTTAACTAG	ACACTGCATC	ACGGTACGTT	GATATACCTT	GTTGCAGTGT	6240
	TCTCTTTAAG	CGTGCTCCCA	TGCACATATG	TATATAAAAT	GTTACTTCTG	TCTGTTCAAT	6300
	TCATCTTCAT	AAATATGCTT	TGCCTAGACG	AGACCTAACG	TGTTATTCGT	TTTAAACTTA	6360
35	TAACATAAAA	TATAATTAAA	TTTCTGCTTC	ATGTCAAATT	CATGAGCTTA	ACCTCTATTA	6420
	AACCAATGAT	TGTAAAGATT	TTGTAAATGC	ACCTGTACAG	TTAGGCAGTA	TTCCCGTCC	6480
	TTTTAAATA	AAAAATTCGC	AGTTATGATC	ATAACAATTC	AAGTTAGGAA	AAAAATCAAT	6540
40	TACGCACAAG	ATAACTATGT	ACAATGAAGT	TAATCATATA	GCAAAGGAGG	TAATCTTAAT	6600
	GGGTATCATC	GCTGGCATCA	TTAAAGTTAT	CAAAGCTTA	ATCGAACAAT	TCACTGGTAA	6660
45	ATAAGATTTT	ATAACAAACA	AAGGAGGTCT	TTCACATGGG	TATCATTGCA	GGAATCATT	6720
	AATTCATTAA	AGGATTAATT	GAGAAATTCA	CTGGTAAGTA	AGTTATAAAA	ATCTCATAGA	6780
	TATGAACATC	TTATTTGAAG	GGGGCCATTC	ACATGGAATT	CGTAGCAAAA	TTATTCAAAT	6840
50	TCTTTAAAGA	TTTACTTGGT	AAATTTTTAG	GTAACAATA	ATCTCAAACA	TTAACGATCA	6900
	ACAATCATC	ACTATGTTAA	ATCAACATAC	AGGAGGACAA	AACGATGGCT	ATTGTAGGTA	6960
55	CTATCATTA	AATCATCAAA	GCAATTATCG	ACATTTTCGC	AAAATAATTT	AAGCGAATTG	7020

	TTATTGATGT GAGGTGAGTC TTGTTAGTTT GTTGCAAATA AATGGTCTTG GTGTTTTTTG	7140
	TATAGGACGT TCTTAGTGGG ACATACGGAA TATTCGTGAT CTTTGTAGTC TGACGCGTTA	7200
5	TATTTTTGTG GCGTGTTTTA TGTTTGATAC TCGAGTTCTG AGACATTCAT GATTTGGCAT	7260
	GCGAAATCTT AATGATTTTC ATGATCTAGC GCAAGATATA TTGGCCACGT GCGGAATTGC	7320
	GTTGCACGTT TAGACTGAAA CACTCGTGTG ACCGTAAGTG TTAATAGTAC ATTGATAGCT	7380
10	GCATTTACTT CACTCATTTT TATGACTGTT AAACAATGAT TGTACCTTCA ATTAACAGTT	7440
	GGTACGATGG TTTTGCCATT TTTCATCAAC GTAAATATAA AAAGGACTAA GACACATACA	7500
	TGTCCTAGCC CTATGGATAA AATGCAAATT TCTGCTTTAT CAAAACTATC ACACTTTAGA	7560
15	TAGATTGAAA ACAAAAAGAT CCTAAGAACA CCTTAACTTT TTATTAATTG TCATAAATTG	7620
	CAAACAATTA AGCCACAATT CAAAATGAT TATACTTCAT TCAACTTATC GTGCTGGTCT	7680
20	AATTTGCCAT TGATATGGAT CTTCAAATTG TTGCCAATCT GCATCAATTT CTTGCGCATT	7740
	GACTAAGCAT GCGTCGAGTT CTTTTGTAA TTTTCTTCA TCTAATTCTG TACCAATAAT	7800
	GACAAATTGT GTATGACGAT CGCCATATTC TGGATCCCAT TCAGCTGCGA CATCTTGACG	7860
25	TTCTGCTAAT ATTTGTGTTT GTTGCGCTTC AGACATACTA GCCACCCAAT ATGTAAGTGG	7920
	ATGAATATTG CAAGATGACC CTGCTTGAGA TAATAACAT GCTACGTGAT TGTATTGTGC	7980
	TAGCCATACG ATACCTTTTG ATCGAACGAC ATTATTTGGC ATGCTTTCTA ACCAATCATT	8040
30	GAACCTTTTA GCATGGAAAG GTAGACGACG TTTATATACA AACGATGATA TACCATATTC	8100
	TTCTGTTTCA GGTGTATGCG ATGCATGCCC ACCAGACTCA AGTTCTTTGA TCCATCCTGC	8160
35	TGACTCGCTC GCTTTTTCAA AATCAAAACG CTGCGTATTC AAGACTTCTT TTAAATCTAC	8220
	TTCAGAATTT GTTGTCTTAA TAATTTTAGC AGTCGGTTGC AATGCGCTTA ACATTTTTTC	8280
	TAACCTCGCT AGTTCTTCTT CACTAATTAA ATCAATTTTA TTAATAATCA ATACATCACA	8340
40	AAATTCAACT TGGTCAATTA ATAAATCAGC AATCGAACGC TCATCTGTTT CGTCAACGCT	8400
	TTGATCACGA TCCATCAATA AATCTTCTGA GTTGATGTCA TGTACGAAGC GGTTAGCATC	8460
	CACAACTGTA ACCATTGTAT CTAAACGGCA AATCGCTGTA AGATCAATGC CAAGTTCATC	8520
45	ATCAATATAT GAGAAAGTTT GTGCAACAGG TACTGGCTCT GAAATCCCTG TTGACTCAAT	8580
	AACAATTTGA TCGATGCCAC CTTTTTTCAC TAAACGCTCA ACTTCTTTTA ATAAATCGTC	8640
50	TCTAAGTGTA CAACAGATAC AACCATTAGA AAGTTCGACT AATTTTTCAT CTGTACGCGA	8700
	TAGTCCCCCA CCATCTGCGA CAAGATCTTT ATCGATATTT ACTTCACTCA TATCATTTAC	8760
	AATTACCGCG ATACGTCGAC CTTCTCGATT TTGTAAAATA TGATTTAACA ACGTTGTCTT	8820
55		



ACTTCAATTT ATTTGTAAAT AGGAATAATT CTGTTTTACA TTATATAGGA GCGTTTCCTC 8940  
 TTTGCAATC TTCGATAATA AAAAAATAGT ATACTTAATT AAATTATTGA GCGCTTTACT 9000  
 5 TTATAATGGA GACAAAGATA TATCTCACGA AAGAGAATCG AGGTGTATAA ACATGTTATT 9060  
 TGTCATTTTA GTTTTATATG TTAGTGGTAT TGCATTTATT CTACTCAGTG TTTTGGTTC 9120  
 AAAGACTGAA GGATTATCTA CGAAACATAC TTTATATACC ATTGGCAGTG CTATTATAAC 9180  
 10 GATTGCTATT TTCATTTCAA TTGGCTATGC CATTCAATAC TTAAGTGCAG CGCTTTATGG 9240  
 TTTGTAAGGT GAAGGTGATG AGTAACGGGT AGTTCGGGAG AGGTAACTT GCGTTGATTT 9300  
 TGATAAAGTG ATCATAGCTT TTAGTACTTG AGGATTTTTA TTGTTGCTGT TACGAATGTG 9360  
 GTCATGTTTA ATGCGGGACA GTAATTTAAG TTGTTTTTTT ACAATTGAGA GTGTGATATT 9420  
 TCGATTCGGT TCGAATTACT TTACATGGGA ATAATATAAA TTAAAAAGAA GCGGCCTAGT 9480  
 20 GTCAGTTGTG AATATACTGA ACATTGGTCG CTTTATTTAG TAGTATGATA TGTAGTTTAG 9540  
 CTATTAATTT TTTTCAGGTC ATCCTTAATG CTGTCTATCT CAGACATGGC ACTTTTAACC 9600  
 CAATCTCCTT GAGCTGCACC TTAAAATTA GCTTTAAAG ctTCGCAATG TTGCGCCATT 9660  
 25 TGTTCAATTA ATACTTTTTC TTCACCTTTT AATCCGTTTT CAATATCTTT GTATTTATGC 9720  
 TTATGTTTCA GTGCAATAAC TGTGCGAATA TTTTCTTTTT GCGCTTCCAT TTTAGATATG 9780  
 AGATTAAGTG TTTCTACTGT AGTACTTATA TCTGGCATTG TTAAGGTCAT ATCTGGTTCT 9840  
 30 ATTAGAGTCA TTTAATCTCC TCCAAATTAT CAGTCACTTA GCTTATCTAA CTGCTTTTCA 9900  
 TAAGACTTTT TTAAGTCTTC TTTATATTCT TCTAATTTCC CATTCTTGCT TTCTGA 9956

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 353:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 2411 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 40 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 353:

TTTCTTTTAA CAGaTTTATC cCATTAAATTG TTCTACAAGC CCACGaTGAG CAATATCATT 60  
 TTTAGCAACC ATTAATAAAC CAGAAGTATC CATATCTATA CGGTGAACAA TACCTGGACG 120  
 50 AATTTCTCCA TTAATACCTG ACAAATTTTT AATTTGATAC ATTAAACCAT TAACTAATGT 180  
 ATTGGTATAA TGCCCTGGTG ATGGATGAAC TACCATGCCT TTCGGTTTAT ATACAACTGC 240  
 AACATCGTCA TCTTCATAAT AAATATCTAA ATTTAAATTT TCAGGTAGAA TATCAGCTTC 300

55

	AACAAC TT TA	TCGTTTGCAA	CGACTAAACC	TGCTTTAATC	CAATCTTGTA	TCTGGTTACG	420
	AGACCAATCA	TTATTTAATT	CAGGCAGCAA	CTTATCTACA	CGCATACCTG	TTTGTTCCTT	480
5	ATCTGTAATG	TTAAATTCAT	AAGTCTCCAT	TACTTAACCT	CCTTCTCCTT	TTTATTGGAA	540
	GTATCCTTTA	ATAAGGCAAT	AATAATTAAT	ATTACACCAA	TTGTTAAACT	TGAATCTGCG	600
	ATATTAAATA	TTGGAAAATC	ATAACCAAAA	ATATTTGTAT	CAATAAAGTC	AACAAC TTCT	660
10	CCTGTTAAAA	TTCTATCAAT	AAAGTTTCCA	AGTGCACCTG	CAAAAAGTAA	ACTAATAGCA	720
	ACTTG CATAA	ACAAATTATA	TTGAGCATCT	TTAATAAAGA	AATATACTAA	GGCTATTAAT	780
	ATAATAATGG	TAATAATAAA	GAAAAATGTC	ATTTTTCCAC	TCAATATTCC	CCATGcAGCA	840
15	CCATTATTTC	GATGTGaTGT	TATGTTTAAA	AAGTGCGGTA	TCAC TTCAA	TGAATCTCCA	900
	ATTTTCATTG	TAGTAGCTAT	AATATATTTA	GTAAC TTGGT	CAAATATAAC	GACAAATACT	960
20	GCTATTAAAA	TGGAAGTGCC	AATAAAATAT	TTTTTG TGCA	TTTTCGTTCC	TCCAATCAAT	1020
	CGTCCATGAG	ACAAC TCTTT	ATATTATAGC	TTACACCTGC	TAATAAAAAA	AGTAAGCATA	1080
	TTACATTAAA	TCTAATGTTA	CTAACTCAAT	ACTTGATAAA	CTACTATGTT	TTGACATTAA	1140
25	ATATGAACTT	AATTATT CAT	TTATCATATT	TAAGATGACA	TTAAAAATTA	GGAAAGCAGG	1200
	CTGGAACATA	AATCCCTAAA	AAGACAGTAG	TAAGATATTT	TCTAATTAAA	AATTATCTTA	1260
	CTGCTGTTCT	CTATTTATAC	AATACTTCGT	ATTGAATGGC	TTGCTATGC	CCATCTGGCA	1320
30	CATTACTGTA	AAATTCTATA	AATAGAATTT	TTGATGATGG	GTCCCTTCCT	AGGGTGCCGT	1380
	CTCAGCCTCG	GcCTTCGACT	GGCACTGCTC	CCTCAGGAGT	CTCGCCATTA	ATACTACGTA	1440
35	TTAACATGTA	ATTTTACTTT	TAAATACTTT	AAAAAAATAA	GACATGAATC	GTCTACACTT	1500
	AATTGGACAA	ATTCTATGAG	AATAGATATT	GTTAATTTAA	GAAAGTAGGC	TATTTTGAGT	1560
	TcCACTCGAA	TGTCAGTTCG	AGGAATAAAT	AAAGTTAAAC	GAGAGCTAGG	TTTTGTATTA	1620
40	ATGGCAATTA	ATATAAGGAA	AATAGCAGCT	CAACGAGCTG	TACATTATAA	AATACATATC	1680
	AAAAAAGCTG	ATTTCTATCA	AATAATTAAT	AGAAATCAGC	TTTTTTACAT	TGCCTAAGAA	1740
	CTTAATGTCC	CAAGCCCTAA	AACTTGTTGT	TATTTATTTG	ATTTAGCAGC	GATACGTTTA	1800
45	TATCTTAAGT	ACATAAATGC	TAAAAGTATA	AACCAAATCG	GAATAAAATA	AATTGCACGT	1860
	CTTGATCAA	CATTAATAAA	TAATAACCCG	AACACAAAAA	TGAAGAATAC	AAATATTAAG	1920
	TAGCCCATAT	ATTTGCCACC	TAATAGTTTG	TACGTAGCAT	TTTTATGTAG	ATCTGGGTTT	1980
50	TTACGACTAT	AATTGATATA	TGCAATGATA	ATCAGACCCC	ATACAACTAA	AAATAACACT	2040
	GTAGAGATGG	TAGTCACATA	CGTAAATACT	TTGTGCGCAT	CTGGGAAAAT	ATAGTTTAGT	2100

55

TTATTCGTCT TAGAAAAGTT CGGAGGTGCT TGTyGTTGAC TTGATAAACC GaAAAGCATA 2220  
 CGGCTATTTG AGAATATACC ACTGTTACAT GATGAAGCAG CAGCGGTTAA TACTACAAAA 2280  
 5 TTAATCAAGC CCGCAGCAAA CGGAATTCCG ATCAATGCGA ATrATTTTnC GAATGGACTG 2340  
 TTATCAGGAT CAACTTGCTG CCAAGGGGTA ATAGACATGA TAACCGCTAA CGCCCCAACG 2400  
 TTnnATATTA A 2411

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 354:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 15 (A) LENGTH: 605 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 354:

GnGAATTATT TTTAATAATG AAAGGATTAC TTnCATGGGT TTTTACTAGG AnTACCCAGA 60  
 AGGTCAAAAT ATTTTTGATG CGCTAAGTCA ATATGAAGTT AAGCGACGCG GCGATATGGA 120  
 25 AGAGGATCCA TCATATAAAC AACTCATTTC TTATTGTTTA CTTGAAAATG AGCATGGCGA 180  
 GATATTAGTG TATGAACGAT TATCTGGCGG TGGAGAAGCT CGATTGCATG GACAATCTTC 240  
 AATAGGTGTA GGCGGTCATA TGAATGATGT TCCAGGAGCA GAATCTATTA ACGAAGTATT 300  
 30 GAGAGTTAAT GCACAGAGAG AATTAGAAGA AGAAGTAGGT TTAAGTGAGC AAGATTCACA 360  
 AAATATGGAA TATATCGGTT TTATTAATGA CGATAATAAT GAAGTGGGCA AGGTACATAT 420  
 35 TGGTGTTGTA TTAAAAATCA CTGTAAGTAC GAATGATGTA GAAGCTAAAG AAACAGATAC 480  
 TTTACGAATA AAATGGGTTG AAAAAGGCAA CATAGAGTCA TATGATGATT TCGAAACGTG 540  
 GAGTGCATTA ATCCTTCAAG ATTTATAATC AAACGAGGTG ACATATATGT CAGATATTAT 600  
 40 TCCAG 605

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 355:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 45 (A) LENGTH: 668 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

50 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 355:

TTTATTAGCA CATCCAAACT ATTCATATGT TGGACAATTT TTAAACGAAC TAGGATTTAA 60

ACAATTAGAC ACTGAACATT TAGCTGATTT AAATCCAGAG CGTATGATCA TTATGACAGA 180  
 TCATGCTAAA AAAGATTCTG CTGAATTCAA GAAGTTACAA GAAGATGCAA CATGGAAAAA 240  
 5 GTTGAATGCA GTTAAAAATA ATCGCGTGGA TATTGTTGAC CGTGATGTTT GGGCAAGATC 300  
 TCGTGGCTTA ATTTCTTCTG AAGAAATGGC TAAAGAACTT GTTGAATTAT CAAAAAAGA 360  
 ACAAAGTAA GGTGGAAGTA AATGGCTATA AAAGAAATAA GTAGCCAATC TGCCATAGAT 420  
 10 CATAAAAGAA AAAGACGCAC AACACTCACG TATATAGTGA GTTTGTGCTT TCTTTTATT 480  
 TGTATATATT TAAATATGGC GATTGGTTCT TCGAAAATTA ATTTTAGCGA TATCATTCAC 540  
 TATGTTACTG GTCATACAGA TACGAAAGCA ACGTTTTTAT TGCATAATGT ACGTATGCCA 600  
 15 AGGATGATTG CAGGGTTATT TATTGGCGGT GCATTAGCGG TATCTGGTTT GTTAATGCAA 660  
 GCAATGAC 668

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 356:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 737 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 356:

30 ATACAAAAA ACATATCGAA AATAAAGCTA AAAGAACTA TCAAGTTCCA TATTCAATTA 60  
 ATTTAAATGG TACATCTACA AACATTTTAT CGAATCTTTC ATTTTCAAAT AAACCTTGGA 120  
 35 CAAATTACAA AAATTTAACT AGTCAAATAA AATCAGTACT GAAGCATGAT AGAGGTATTA 180  
 GTGAACAAGA TTAAAAATAT GCTAAGAAAG CTTATTATAC TGTTTATTTT AAAAATGGTG 240  
 GTAAAAGAAT CTTACAGTTG AATTCAAAAA ATTACACAGC AAAGTTAGTT CATGCGAAAG 300  
 40 ATGTTAAGAG AATTGAAATT ACTGTTAAAA CAGGAACTAA AGCGAAAGCA GACAGATATG 360  
 TACCATACAC AATTGCAGTA AATGGCACAT CAACACCAAT TTTATCAAAA CTTAAAATTT 420  
 CGAATAAACA ATTAATTAGT TACAAATATT TAAATGACAA AGTGAAATCT GTATTAAAAA 480  
 45 GTGAAAGAGG CATCAGTGAT CTTGACTTAA AATTTGCGAA ACAAGCAAAA TATACAGTAT 540  
 ATTTCAAAAA TGGAAAGAAA CAAGTAGTGA ATTTAAAATC AGACATCTTT ACACCTAATT 600  
 TATTTAGTGC CAAAGATATT AAAAAGATTG ATATTGATGT AAAACAATAC ACTAAATCAA 660  
 50 AAAAAAATAA ATAAATCTAA TAATGTGAAA TTCCCAGTAA CAATAAATAA ATTTGAAAAC 720  
 ATAGTTTCAA ATGAATTTGT GTTCTATAAT GCAAGCAAAA TTACmATTAA TGaTTTAAGT 780

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 357:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 534 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 357:

AAAGTAAAAA TAAATCTCCC TTTTAACTT TCGTTTCTGC CATAGCCATT GCTTCTTCTG 60  
 TGATAGTTGC TACAATATCT TTTCTTTTAC GGTTAAAATG TTCAACTTGT TCTGCTAAAA 120  
 ATGCAGCTTC TTCTTCGACG TCAGTCATCA ACAATTCGCa AGCTAATGAT GCGTCATCTA 180  
 AACGACCTAC AGCATTAAAGT CTAGGTCCAA TAATAAAACC AATTGTTTCT TCATCAATAT 240  
 TGTCATTGTA TCCCGCTTCT TTTAGCAATG CTTTAACAGA GGTCGGACAT TGATCATTTA 300  
 AGACTTTTAA TCCTTGTTTC ACTAATGATC GATTTTCATC AGTTAAGGAT ACTAAATCCG 360  
 CAATGGTACC TATCGCAACT AATGCTTTAA AATAATCAGG TACATTTtCA ATCAATGCTT 420  
 GTGCTAATTT GTATGCAACA CCTGCACCAC ACAATTGTTG GAACGGATAA TTAAACGATG 480  
 GATGCATTGG ATGTACGATT GCATATGCTT CTGGTAATGT ACTACCAATT TCAT 534

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 358:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3621 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 358:

GGTGAGTCAA ATTAAATGAA TCTAATAAGT CATAACTATC TATTTGTAAT GTGCAACGCT 60  
 TAACGCATAT ACAAATGAA TGTGCTGATA ATGATTTACT CAAATTAAAA GGTGATTTTT 120  
 ATTCAATGAT GAATGAAAGT TGCCTTTTTTA TTTTGGTAA AAGTTAATGC GTCAGTGAAT 180  
 TGTGTAAGTT TTTCAAAAAG TAAAAAGAAA TAATAAAGGT GAATTATTAG AATTCCArAA 240  
 ATAATTCATT ACATTCATAA AGCATTTTAC AAATGGTAAG AAAATGAGTG TTACAAATCT 300  
 AAATATTGCA AAAGAAGCTG ATTTAGTCAC AAAAAATGTC CTATGTAATA ATTCGAGAAA 360  
 GATGCACTAT ATACGGTCTT CTTACTATTC AAATGTAAAA GTTGCTTATT TGC GTGGCTT 420  
 TTTGTTTTAT AAAAGTATAA AATTTTACTA TAATATATCT TG TAGAGAAC AATGAAATGA 480



	ATAGCAAAC	GTATTACTTT	GATACAAAA	TGGTTGTAAT	AAATATTTAT	CGATATGACG	600
	ACTTGAATAT	GATAAAGTGA	CATATTTATG	TATATGACTA	TTTCGCAAAA	TGTAATCGAG	660
5	GTAGAATTTT	TTGACAATTC	TGTCAGTTTA	TAAGATGTTA	TAAATATGTA	GTGTATAAGG	720
	AGGCAAACAA	GATGACTGAA	GAATTCAATG	AATCAATGAT	TAACGATATT	AAAGAAGGTG	780
	ACAAAGTCAC	TGGCGAGGTA	CAACAAGTTG	AAGACAAGCA	AGTTGTTGTT	CATATCAACG	840
10	GTGGTAAATT	TAATGGGATT	ATTCCTATTA	GTCAACTATC	TACGCATCAT	ATTGATAGCC	900
	CAAGTGAAGT	TGTAAAAGAG	GGCGACGAAG	TTGAAGCATA	TGTCACTAAA	GTTGAGTTTG	960
15	ATGAAGAAAA	TGAAACTGGA	GCTTACATCT	TATCTAGAAG	ACAACTTGAA	ACTGAGAAGT	1020
	CTTATAGTTA	TTTACAAGAA	AAATTAGATA	ATAATGAAAT	CATCGAAGCG	AAAGTAACAG	1080
	AAGTAGTTAA	AGGTGGTTTG	GTTGTTGATG	TAGGACAAAG	AGGTTTTGTT	CCGGCTTCAC	1140
20	TAATTTCAAC	AGACTTCATT	GAGGATTTCT	CTGTGTTTGA	TGGACAAACA	ATTCGTATTA	1200
	AAGTTGAAGA	ATTGGATCCT	GAAAATAATA	GAGTCATTTT	AAGCCGTAAA	GCAGTTGAAC	1260
	AAGAAGAAAA	CGATGCTAAA	AAAGATCAAT	TATTACAATC	TTTAAATGAA	GGCGATGTTA	1320
25	TTGATGGTAA	AGTAGCGCGT	TTAACTCAAT	TTGGTGCAAT	TATAGACATT	GGCGGTGTTG	1380
	ATGGTTTAGT	GCATGTATCT	GAACCTTCTC	ACGAACATGT	TCAAACACCA	GAAGAAGTAG	1440
	TTTCAATTGG	TCAAGATGTT	AAAGTTAAAA	TTAAATCTAT	TGATAGAGAT	ACAGAACGTA	1500
30	TTTCATTATC	AATCAAAGAT	ACGTTACCAA	CACCTTTCGA	AAATATTAAA	GGTCAATTCC	1560
	ACGAAAATGA	TGTCATTGAA	GGTGTCGTAG	TAAGATTGGC	AAACTTTGGT	GCATTTGTTG	1620
35	AAATTGCACC	AGGTGTACAA	GGACTTGTAC	ATATTTCTGA	AATTGCACAC	AAACACATTG	1680
	GTACGCCAGG	TGAAGTGTTA	GAACCTGGTC	AACAAGTAAA	TGTTAAAATA	TTAGGTATTG	1740
	ATGAAGAGAA	TGAAAGAGTA	TCACTATCTA	TTAAAGCAAC	ATTACCAAAC	GAAGATGTTG	1800
40	TTGAAAGTGA	TCCTTCTACG	ACTAAGGCGT	ACTTAGAAAA	CGAAGAAGAA	GATAATCCAA	1860
	CAATTGGCGA	TATGATTGGT	GATAAACTTA	AAAATCTTAA	ACTATAATTT	AATATTTAAT	1920
	AGTCAACTCC	ACATGTTTAT	GATTGcATGT	GGAGTATTTT	TATGTAACAA	AATATACTCG	1980
45	GAATGATAAC	GTGGgACAAA	TTTAACTAAG	TGTTTAAAAA	GATArAGTTT	TAAGTGCTGa	2040
	tTTTTATCAT	TACAGTAATA	AACTCATTTT	GAATACACAG	TCTCATGTGA	TATTATTAAA	2100
	AAGATATaAG	AAAGAGAGGA	AGTTAGCTTA	TGACTAAACC	TATAGTAGCT	ATTGTAGGTA	2160
50	GGCCTAATGT	AGGTAAATCT	ACAATTTTTA	ATAGAATAGT	TGGAGAACGT	GTTTCGATTG	2220
	TGGAAGACAC	GCCAGGTGTA	ACACGAGATC	GTATTTATTC	TTCAGGTGAA	TGGTTAACAC	2280

55

AAATTAGAGC GCAGGCAGAA ATCGCCATAG ATGAAGCGGA TGTTATTATT TTTATGGTTA 2400  
 ACGTGCGTGA AGGATTGACA CAAAGCGATG AAATGGTCGC TCAAATTTTA TACAAATCTA 2460  
 5 AAAAACCGGT CGTATTAGCG GTTAACAAAG TAGATAATAT GGAAATGCGT ACAGACGTGT 2520  
 ATGATTTCTA TTCATTAGGA TTTGGTGAAC CGTATCCGAT ATCAGGGTCA CATGGTTTAG 2580  
 GTCTTGGTGA CTTGTTAGAT GCAGTTGTTT CTCATTTTGG TGAAGAGGAA GAAGATCCTT 2640  
 10 ATGATGAAGA TACAATTCGA CTATCCATTA TTGGACGACC AAACGTAGGT AAATCAAGTT 2700  
 TAGTAAATGC TATTTTAGGT GAAGATCGCG TTATCGTTTC TAATGTTGCA GGGACAACGA 2760  
 GAGACGCTAT TGATACAGAG TATAGTTATG ATGGACAAGA TTATGTTTTA ATCGATACTG 2820  
 15 CTGGTATGCG TAAAAAAGGA AAAGTATATG AATCAACTGA GAAATATTCA GTATTAAGAG 2880  
 CTTTAAAAGC GATTGAACGT TCAAATGTTG TTTTAGTGGT CATAGATGCA GAACAAGGCA 2940  
 20 TCATTGAACA AGATAAACGT GTTGCAGGAT ATGCACATGA ACAAGGTAAA GCAGTCGTGA 3000  
 TTGTCGTAAA TAAATGGGAT ACTGTGGAAA AAGATAGTAA AACGATGAAG AAATTTGAAG 3060  
 ATGAAGTACG TAAAGAATTC CaATTTTITAG ATTATGCACA AATTGCTTTT GTGTCTGCTA 3120  
 25 AAGAACGCAC AAGATTACGT ACATTATTCC CTTACATCAA TGAAGCAAGT GAAAACCATA 3180  
 AAAAACGTGT TCAAAGTTCA ACTTTAAATG AAGTTGTTAC TGATGCAATT TCCATGAACC 3240  
 CTACACCAAC AGACAAAGGT AGACGTTTGA ATGTCTTTTA TGCAACACAA GTTGCTATAG 3300  
 30 AACCACCGAC ATTTGTTGTA TTTGTTAATG ATGTAGAATT AATGcATTTT TCTTATAAAC 3360  
 GCTATTTAGA GAATCAAATC CGTGCCGCTT TTGGTTTTGA AGkTACACCA ATTCATATTA 3420  
 TAGCTCGAAA GAGAAATTAA CGATTGGGGG ATAACAATGA CTAAAATTAC CGTTTTTGGT 3480  
 35 ATGGGAAGTT TTGGGACAGC CCTTGCCAAT GTTCTTGCAG AAAATGGACA TGATGTTTTG 3540  
 ATGTGGGGTA AAAATCAAGA TGCTGTTGAT GAATTAAATA CATGTCATAC AAATAAAAAG 3600  
 40 TATTTAAAAT ACGCGAAATT A 3621

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 359:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

45 (A) LENGTH: 643 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

50 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 359:

CTTTCGGAAA TTAGGATCnG nGCTATCTTG GCCCAATTA CCAAGGGAAC TAnTGGCACC 60

55

AATGCCTCTT TCATCTCCAT GCCCTGTTGC TCATTATTAA TAACACGGTC TATTAACACA 180  
 ATGGCATTG TTACTACGAT TCCAATTAAC ATTAGCATAC CAATTAACT TGGTACTGAT 240  
 5 ATTGTTCTC CTGTGATTAA TAGTGCAATA ATTACACCGA TAACTGTAAA TGGTAAAGAG 300  
 AATAAAATTG TAAATGGTGC TAGGCCACCT TTAAATGTAA TAACTAGGAT TAAATATACG 360  
 ATAATGATTG CAGCTAACAT TGCAAAGGCT AATTGTGTCA TTGCATTGTT AATATCATCT 420  
 10 GATGCACCAC CGATATTAA CTTTACATTA TTCGGTTTAT CCAAATTATT TATTTTAGAC 480  
 ATCACTTGTC GTGTTGTGCC ACCCACATCT TTATTTGTTA CTTTAGCAGA TACCGTCGTT 540  
 GCATAATCTC CTTGTTCTTG CGTCAATTTA CTGGGTGTCG TTGTTTTAAC TAACGTAGCG 600  
 15 ATATCTCCA ATTTAATCGT ACCACCAGTC GGCTTTTCA AAG 643

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 360:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2524 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 360:

TTTCAGGCyG TGCAAGGGCT TTTTCTTTTG CTTTAAAGAT TATGATTTAT CGTGCAAAGT 60  
 30 TAAGTGGTCG TATATAGTTT TAGTTTTAAA AAGGTAATTA AATAAAATAG TTTGCCGAGG 120  
 GAGATGTCAA AATGATTAAA ATACCTAGAG GGACGCAGGA TATTTTACCT GAAGATTCAA 180  
 AGAAATGGCG TTACATTGAA AATCAATTAG ATGAATTAAT GACATTTTAT AATTATAAAG 240  
 35 AAATAAGAAC ACCAATTTTT GAAAGTACAG ATCTTTTGC AAGAGGTGTT GGTGATTCAA 300  
 CCGATGTCGT ACAAAAAGAA ATGTATACAT TTAAAGATAA AGGCGATAGA AGTATTACAT 360  
 40 TAAGACCTGA GGGAACAGCT GCAGTTGTGC GTTCATATAT TGAACATAAA ATGCAAGGTA 420  
 ATCCAAACCA ACCAATTAAA CTTTATTACA ATGGACCGAT GTTTAGATAT GAACGTAAGC 480  
 AAAAAGGACG CTATCGTCAA TTTAATCAAT TTGGTGTAGA AGCTATTGGT GCTGAAAATC 540  
 45 CTAGCGTAGA TGCAGAAGTA TTAGCTATGG TTATGCATAT TTATCAATCA TTTGGATTAA 600  
 AACATTTAAA GCTTGTTATT AATAGTGTAG GGGATATGGC GTCTCGAAAA GAATATAACG 660  
 AAGCGTTAGT GAACACTTT GAACCAGTAA TTCATGAATT TTGTTTCAGAT TGTCAATCAC 720  
 50 GTTTCATAC AAATCCGATG CGAATTTTGG ATTGTAAAGT AGACCGTGAT AAAGAAGCGA 780  
 TTAAGACTGC ACCTAGAATC ACTGATTTCT TAAATGAGGA ATCTAAGGCA TATTATGAAC 840

EP 0 786 519 A2

	GTGGATTGGA TTATTATACA CATACAGCAT TTGAATTAAT GATGGATAAC CCTAACTATG	960
	ATGGTGcCAT TACAACGCTT TGTGGTGGTG GCCGTTATAA TGGTTTATTA GAATTGCTAG	1020
5	ATGGTCCAAG TGAAACAGGT ATTGGTTTTG CGCTAAGTAT AGAACGATTA TTGCTTGAC	1080
	TTGAAGAAGA AGGTATCGAA TTAGATATTG AAGAAAACCTT AGATTTATTC ATTGTTACAA	1140
	TGGGTGATCA AGCAGATCGA TATGCTGTGA AGCTATTAAA TCATTTGAGA CATAATGGTA	1200
10	TTAAAGCAGA TAAAGACTAT TTACAGCGTA AAATTAAAGG ACAAATGAAA CAAGCAGACC	1260
	GTTTAGGTGC CAAGTTTACA ATCGTTATTG GTGATCAAGA ATTAGAAAAT AATAAAATCG	1320
	ATGTTAAAAA TATGACAACCT GGTGAATCTG AAACAATTGA ATTAGACGCA TTAGTCGAAT	1380
15	ATTTTAAGAA GTAGAGAGGG CGTTAAAATA TGAGTAAGAG AACAACTTAT TGTGGATTAG	1440
	TTACTGAGGC ATTTT TAGGA CAAGAAATTA CATTAAAAGG ATGGGTTAAC AATCGTCGTG	1500
20	ACCTTGGTGG ATtGATTTtC GTTGATTtAA GAGATAGAGA AGGAATTGTA CmAGTCGTGT	1560
	TTAATCCTGC ATTTTCAGAA GAGGCaTTGA AAATTGCTGA AACAGTACGT TCTGAATATG	1620
	TTGTAGAAGT TCAAGGTACA GTTACGAAGC GTGACCcTGA AACAGTTAAT CCTAAAATTA	1680
25	AAACTGGCCA AGTTGAAGTA CAAGTTACAA ATATTAAAGT GATTAATAAA TCTGAGACAC	1740
	CACCATTTTC TATAAATGAA GAAAATGTTA ACGTTGATGA AAATATTCGA TTAAAATACC	1800
	GTTATTTAGA TTTACGTCGT CAAGAGTTAG CGCAAACATT TAAAATGAGA CATCAAATTA	1860
30	CACGTTCTAT TCGTCAATAT TTGGATGATG AAGGGTTCTT TGACATCGAA ACACCAGTAC	1920
	TAACGAAGTC AACACCTGAG GGTGCACGTG ACTATTTAGT ACCATCTCGT GTTCATGATG	1980
	GTGAATTTTA TGCATTACCA CAATCACCAC AATTATTTAA GCAATTATTG ATGATTAGTG	2040
35	GATTTGACAA ATACTACCAA ATCGTAAAAT GCTTCCGTGA CGAAGATTTA CGTGCAGATC	2100
	GTCAACCTGA ATTTACACAA GTCGATATTG AAATGAGTTT TGTAGACCAA GAAGATGTGA	2160
40	TGCAAATGGG TGAAGAAATG CTTAAAAAAG TTGTAAAGA AGTTAAAGGC GTTGAAATTA	2220
	ATGGCGCTTT CCCACGCATG ACATATAAAG AAGCGATGCG TCGCTATGGT TCTGATAAAC	2280
	CAGATACACG TTTTGAAATG GAATTAATTG ACGTTTCTCA ATTAGGACGT GATATGGACT	2340
45	TTAAAGTATT TAAAGATACT GTTGAAAATG ATGGTGAAAT TAAAGCAATT GTCGCTAAAG	2400
	GTGCAGCTGa ACAATATACT CGTAAAGaTA tGGGaTGCTT TAACAGAATT TGtaAACaTC	2460
50	ymTGGtGCTA AgGtTAGCGT GGGGTAAAG TTGTGGGAAG GTGGTTTTGA CAAGGTCCCA	2520
	ATGG	2524

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 361:

55

(A) LENGTH: 1507 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 361:

10	TCGTTGAGTA AAAGTCCAGA AAATTGGATG AGTAAACTTG ATGATGGAAA ACATTTAACT	60
	GAGATTAATA TACCGGGTTC ACATGATAGT GGCTCATTCA CTTTAAAGGA TCCAGTAAAA	120
	TCAGTTTGGG CAAAGACTCA AGATAAAGAT TACCTTACCC AAATGAAGTC GGGAGTCAGG	180
15	TTTTTTGATA TTAGAGGTAG AGCAAGTGCT GATAATATGA TTTCAGTTCA TCACGGCATG	240
	GTTTATTTGC ATCATGAATT AGGAAAATTT CTCGATGATG CTAAATATTA CTTGAGTGCT	300
	TATCCAAACG AAACAATTGT GATGTCTATG AAAAAGGACT ACGATAGCGA TTCTAAAGTT	360
20	ACGAAGACAT TTGAAGAAaT TTTTAGAGAA TATTATTATA ATAACCCGCA ATATCAGAAT	420
	CTTTTTtACA CAGGAAGTAA TGCGAATCCT ACTTTAAAAG AAACGAAAGG TAAAATTGTC	480
	CTATTCAATA GAATGGGGGG TACGTACATA AAAAGTGGTT ATGGTGCTGA CACGTCAGGT	540
25	ATTCAATGGG CAGACAATGC GACATTTGAA ACGAAAATTA ATAATGGTAG CTTAAATTTA	600
	AAAGTACAAG ATGAGTATAA AGATTACTAT GATAAAAAAG TTGAAGCTGT TAAAAATTTA	660
30	TTGGCTAAAG CTAAAACGGA TAGTAACAAA GACAATGTAT ATGTGAATTT CTTGAGTGTA	720
	GCGTCTGGAG GCAGCGCATT TAATAGTACT TATAACTATG CATCACATAT AAATCCTGAA	780
	ATTGCAAAAA CGATTAAAGC AAATGGGAAA GCTAGAACGG GTTGGCTGAT TGTGACTAT	840
35	GCAGGATATA CGTGGCCTGG ATATGATGaT ATCGTAAGTG AAATTATAGA TAGTAATAAA	900
	TAAGGATTCA ATAATGATAT TAAGACGAGT ATGAAAATAG TTAGATTCTA ATTATTTTCA	960
	CTACTCGTTT TTATTTTGAA AATAAGTAAT AATTCAACAA TATTATAAAT TGAACAGATT	1020
40	GTTTGTGAAA TTTTGTGATA TATTAAAGTG AAAAAGTGTT ATAAATTGAT AAATATATGT	1080
	AATTAACAAA AACAAATCAT TTTAAAAAGA AGAGAGTTGT AAGATGATGa AACGATTAAA	1140
	CAAATTAGTG TTAGGCATTA TTTTCTGTGTT TTTAGTCATT AGTATCACTG CTGGTTGTGG	1200
45	CATAGGTAAA GAAGCGGAAG TTAAGAAAAG CTTTGAAAAA ACATTGAGTA TGTACCCTAT	1260
	TAAAAATCTA GAGGATTTAT ACGATAAGGA AGGCTATCGT GATGATCAGT TTGATAAAAA	1320
50	TGATAAAGGT ACATGGATTA TAAATTCTGA AATGGTTATT CAACCTAATA ATGAAGATAT	1380
	GGTAGCTAAA GGCATGGTTC TATATATGAA TAGAAATACC AAAACAACAA ATGGTTACTA	1440
	mTATGTCGAT GTGACTAAGG ACGAGGATGA AGGAAAACCG CACGACAATG AAAAAAGATA	1500

55



## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 362:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1216 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 362:

TACATGTTTC	GGATGCTACT	TTATTTAGTT	TGAAGGGTGC	ATTATGGACG	TTAGCGCAAG	60
AAGTTTATCA	AGAATGGTAT	TTAGGATCGA	AGTTGTATGA	AGATGTTGAA	AAGAAAATAG	120
CACGAACTAC	TTTAAAGACA	GGTTATATTT	ATCAAGAAAT	TATTTTGAGA	CCAGTAGATG	180
AAGTTAAGGT	ACTTCTGAAT	GATTTAAAAG	GTGCTGGTTT	CGAATTAGGT	ATTGCAACAG	240
GTCGTCCTTA	TACTGAGACT	GTTGTGCCAT	TTGAAAATTT	AGGATTGTTA	CCATATTTTG	300
AAGCTGATTT	TATTGCAACA	GCAAGTGATG	TTTLAGAAGC	AGAGAATATG	TATCCGCAAG	360
CACGACCATT	AGGAAAGCCG	AATCCTTTTA	GTTATATCGC	AGCTTTATAT	GGTAATAATC	420
GCGATAAATA	TGAATCTTAT	ATCAATAAGC	AAGATAACAT	TGTAAATAAA	GATGACGTAT	480
TTATAGTAGG	CGATTCGTTA	GCTGACTTAT	TAAGTGCTCA	AAAAATAGGT	GCAACGTTTA	540
TTGGAACATT	AACAGGTTTA	AAAGGTAAGG	ATGCTGCAGG	TGAGTTAGAA	GCGCATCATG	600
CCGACTATGT	TATTAATCAT	TTAGGTGAAC	TTAGAGGTGT	ACTAGATAAT	TTGTAATTTG	660
ATTGTTGTTT	GACAGCATAA	CTTGTAGTGA	ATGATTGAAC	CAAAGGTTTC	ATATTGAGTT	720
ACAATGAAAT	TAATAATGAA	AAAATGCCAA	GAAGCAATGG	AAGTAATCCA	ATGTCTTCTT	780
GGCATTTTGA	ATTTACATAA	ATTGTTTATG	ACTGTACCGT	CAATTCAGTT	GTGAAAATTT	840
GATTGTATTC	ACCAACTTGT	TTAAGTTCAT	CAATTATATT	GTTTGAAACA	GGTTGATCAA	900
CGGATAAAAT	CATTAGCGCA	TCTCCGCCCC	CTTCAGTTCT	ACCTAAAGTC	ATAGATGCAA	960
TGTTGATATT	GTATTTACCT	AACAATGCGC	CAGTTTTTCC	TACCATACCT	GGAGTATCAT	1020
TATGATATGA	CACAATTGGA	TATTGATTTG	GCTTTAAGTC	TACAGAAAAA	TTATTAATTC	1080
TAACAATTCT	TGGACCGAAA	CCTGTAAAGA	CAGAAGCGCC	AACTTTAACG	GAATCGCAT	1140
CGnTTGATAG	TTCTACCTCT	AAGTAGTTAC	TAAAACCTGT	CTCTGCTTTA	TTATTTTCAA	1200
TATTTAATGT	CACTTG					1216

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 363:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 867 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 363:

	ATCAAAATAT TTTAAATAAT ATTGATGGTC ACATTGTAAA TTTAATAGAA AATAAATTTG	60
10	ATCAAAATATT ACAAGAACCA TTAAATCCAT TAAATTATGA TACTGTCAGT GGATTAGCTG	120
	GGATAGGGAG ATATTTGCTA AATAGAGTAG ATGAGAATGA ATTTAATGTT AAAGCATTAA	180
	AAAGCATATT AGTATACTTT AAAGATATTC AATATTCTAA AAATAGCTGG GTAGTCCCAC	240
15	AAGAGAGTCA ATTTTGTAGAG TCTGATAAAA ATTATTTTAC TGAAGGTAAT ATCAATCTTG	300
	GCCTTGACCA TGGaGTGCTA GGACCGATGT CTTTATTTGC ATTATGCGTG ATTAAAGGAA	360
	TTACGATTGA AAATCATCAG CACATATTAA AAGACATGTA CAAATTTATC ATGGACGAAA	420
20	AATTTTGTA A CCACGAAAGA TGGTTGCAGC GTTACGATTT AATTTCTGAA CGTAATCATT	480
	TCAATTTTAT TCGGAATGGT TGGTGTATG GCAATACGGG TGTAATGACG ACGTTGTTTT	540
25	TAATCGGCCA AGCATTACAA GATGATGAAA TAATTAAAAT GTCTAAAAAA GTGATGCTAC	600
	AAGTAGTAAA TGATAAAGAT GAAAATTTAA TAAGTCCAAC TATTTGTCAT GGATTGTCAT	660
	CACAAATATT AATGTTAACA ATTATGAATT TGAATTTTGA ATTAAATGAA GTGTCTGATT	720
30	ATATCACTGT ATTAATAAAT AAAGTGAATT CTCATTATAA GGAAGATTAT CTGGTGAATT	780
	TTATAGACAT TAATGAAAAT AAGCAAGATG TATTTAAAAG TAGGAAAGTT GGCCTTTTAG	840
	AAGGTGAATT AGGGGTCATC TAACATT	867

35

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 364:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

40

(A) LENGTH: 10813 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 364:

45

	TACCTTTTCT TTTAAATCAT TTTATATTTT CCCaCTAATA TCCGcTGtTA ATCaATCctG	60
	ACATCctTGT ATCaCTATGA CAATTAATTG TTAAATACAT GAATTTCTAC ATTTTATGAA	120
50	AAAATCCATT TTTATTACAA TTCAACACTT TATATGACAA CTTCAATTACA GTTACTTTTA	180
	TTGTTGATTG CTTACATTGT TTTCTAAAAA AAATTTGTGA TCATAATTAA CGTTGAATAA	240
	AGAAAAAAT TAACTTGGGA GATAAAAATG GAATATAAAA AGATACTAAT TCGTTTATTA	300

55

	CAATCGCATG CCGCAGTTAA TTATTATAGT AAAAACCAAT GTACATGGTG GGCATTTAAA	420
	CGTCGCGCAC AAGTCGGTAA ACCTGTTTCT AATAGATGGG GCAATGCTAA AAATTGGTAT	480
5	TACAATGCAC GTAAATCAAA ATATGCGACT GGTCGTACAC CAAGAAAATT TGCTGTCATG	540
	CAATCAACTG CAGGATATTA TGGACATGTC GCAGTTGTTG AACAAAGTATA TAAAAACGGT	600
	AGTATTAAAG TTTCAGAATA CAACTTTTAT CGCCCATTA AATACAATAC ACGTGTACTA	660
10	AGCAAAAAGG CAGCACGTAA CTTTAACTAT ATTTACTAAT CAAAAAATT CTATCACGAA	720
	CGCTTCAATT TCCTGTATGC GTGTGATAGA AGTTTTTATT TTATGAAATT ATATTATTAC	780
	TTCTACAAAT TTCAAATTGC CGTAATTGAA CGTATATTTT TTCTTCAACT ATTATTTTCA	840
15	CTTTAGCATA ATCTATATAT AAAATTTTAT GCTATTATTT AAATAATTCTG CTATAACTTA	900
	ACATACGTTT TCGATATAAA CCTTGTTCTA AATCTCAATA ATTTTTTGCT GTTTTCATCG	960
20	TCATTAGTTA AAAAAATAAT TTAAGTGGT TTTTGAGACC TGTTTAAATT GATGACTCAA	1020
	AACCTTTTATC CCCTTTTCAC TCGGTTTAAT TGCTTTAATA TTTAACACAG TCTCATTGTA	1080
	ATTTTGCTAC TAAGTTTGAA ATATTTTCGAT TCGAATGTGA ACATCATTTA TTATTACTTT	1140
25	CGACAGCTAG AAAAATATTG TTAAACCAAA ACTATAATTA CCACTTTTAT ATAGAACTAT	1200
	ATATAAATTT TAACTTTGAG ACAGAACTGC TAGTCAGGTT TATGAATATA TTTCTTTAGT	1260
	TTACTTGaTA TACTTATTGG TAAATCATT TTTATTTGAA GAGCATTTAT AACAAAAAGT	1320
30	ATAATCCCAG TTATAGCGAT TCCATGACCA TTTTATCAG TCAAAGATT CACCAACAAA	1380
	ACTTTTTGAT AAATTTTAT ATTTGTATAA TTTATTATGG TAGATATCTA CACCCGTATC	1440
35	TATAACAGCT ACAGTTATCA TTGCGTCTTA TCCAAATAGT TTTTAAGAAA TAAATATAAT	1500
	TCATTAATAT CATGGCTATT TGTAACGTCA GtGCTTaAGA CCTTGTCaAT TATTGTTTTA	1560
	TCTGTTTCTA AGAGCCCCCTG ATTTTCTGCA TACATATTTT GTATATCGCT GTTAATCTCA	1620
40	TTTAATTTTT TAAATTTTTT TCTAACCTTT TTCAAATAA AATGCTCTTT AATTCCATCT	1680
	CTTAAATACA TATAAATCTC TATTATAATC TCCATAAATG TCATATCTCC TCTCTCAAAA	1740
	AACATTATAC TCAATATATT AAAAATAAGA AAGGTTTTTT CAGAATTTTT AGTATTTTCA	1800
45	GATATTTATT CTTAAGTATC TTATTATTAC TTCTTTTAA CGCTAGTGGa ATAATTAATA	1860
	ATAATTGTAT TTAAATGCAA TGCTGTTGTT CTTTCATACT TACAAGCAAG TCATAAGAAA	1920
	TGAGAAATTA AATTCTTATA TGATGAATAA ATGATGACTG CAGAAGAAAT TGCTAAAAAA	1980
50	GGAGTGGAGT GAGGCATTCT ACTGTTTATA TTGTTAACAA ATATCAAAAT GATAGGAACT	2040
	TGAAGAATCT AAGACTGTTA AAATCGAGAC AAGAAGAAAC TCGTTCCAAA TTTGAATCCT	2100

55

	AAAACTTCTA TCACGAACGC TTCAATTTCC TGTATGCGTG TGATAGAAGT TTTTATTTTT	2220
	GTTTCATATTA ATTTATCTAA GCGCTACGAT GGaCTGACTT AAACCTTTCT TTAAAATCGC	2280
5	TATTCGCCAT TTACTATTGT TGTCTAATTT CTTGTAAAAT ATGTTCCGCT GCTTGTGTAT	2340
	TTGCACGGGG TTCTTTTTTC AAAGCTTCAG CTACTTTAGC AATTTTCATCA CCTTTTGCCC	2400
10	CTACAACGAT AGCTAATGAT TTATATTGTA AACTCATATG ACCTTGTTGA ATACCTTCTG	2460
	ACACAAGCGC GCGACATGCT GCAAAGTTTT GCGCTAAACC AACGGCAGCA ACTACATGAC	2520
	CTAATTCTTG TGCTGACTCT ACATTTAGTA GCTCTAATGA AGCTTTAGCA ATTGGTAATA	2580
15	CTTTTGTACC ACCGCCAACG ATTGCCAATG TCATAGGCAC TTCAATTGTA CCAATCAATC	2640
	GTTGACGATC TTGATCGTAA CGCCATGTAG CAATACCACG ATACTGTCCG TCACGACTCG	2700
	CGTATGCATG CGCACTTGCT TCTGCACCAC GCGTATCATT TCCTGTTGCT AAAACAACAG	2760
20	CATGTATGCC ATTCATAACA CCTTTATTAT GTGTTGCTGC ACGATGAATA TCTACTTGGG	2820
	CCAATACAGA AGCACGTTCC ATTCGTTTGG CAACCTCTTC TCCAGTTCTC TCGCCCCTTG	2880
	CTAAATCTTT AACATCAATT TCGCCTTGAA CTTTAAACAAC GGACGCTGTT GCATGATTGG	2940
25	ATAAAATACT CATTAAAATG TCGCTTTGCG GAAATTCATT TTTTAAAAAT GCAGTTATGG	3000
	CCTCTAAAAT CGTATTAAGC ATATTAGCGC CCATAGCATC TTTCGTATCA ACAAATACTT	3060
	TTAAAGATAG TAACTGTTGC TCAGGAAATG TATCAATCGC TATACGTTGG TAACCACCAC	3120
30	CACGCGCTTT AATAGAAGGA TATGCCTCAT CCGCAATTTT ATGAATTTGC TTTTCTAAAG	3180
	CTTTAATGTC TGCTGATAAT TTTTCAGTAT CGTCAACGCC ATCAAAGACG ATTTGACCTA	3240
	TCATAATACG TTCAGAAGAT ACCGTTTTAA ATCCGCCAGT CTGATTCACT AGCTTTGCAC	3300
35	CATAACTAGC TGCAGCGACA ACTGAAGGCT CTTCCACCAT CATAGGTACA ACATATGCCT	3360
	TATCGTCCAC AATGATATTC GGTAATAATC CAACGGGTAA TGCACCTTGC GCGATGACAT	3420
40	TTTCAATTAA ACTATTGGCT ACTTCTTCAT CGATTAATGG ATGATTCAGT AAAATGTCGA	3480
	ATTGTTCTTC TGATAACCAT TGCTTATCAA CCAATTGTTG TAACTTTTCT TTACGAGATA	3540
	AATGTCGAAA ATTCTTATCT AAATTTTGCA TGGACGTA CTCTTTACTT CACATAATTT	3600
45	TTAACATTTT AATCACTACT ATTTTACCA CAAAATAACG TCATTCGTCT TAAAATTCAA	3660
	TTGAATAATT GTCGTTTTGA CTTTAAAATA AAACAAGGTA AATTAAAACG CTTACAAGAA	3720
	ACGACAAATc ATTTTAAAT TTAGTATATT TCTTTGTATA AAATTAGCAT ATTCTGATAT	3780
50	GATACAAGTG TTGCTTTTAT AAATTGAAA GGATGTAAAA CCTTATGACA ATAGGTATCG	3840
	ATAAAATAAA CTTTTACGTT CCAAAGTACT ATGTAGACAT GGCTAAATTA GCAGAAGCAC	3900

55

	CTGTAAACCA AGACATCGTT TCAATGGGCG CTAACGCTGC TAAGGACATT ATAACAGACG	4020
	AAGACAAAAA GAAAATTGGT ATGGTAATTG TGGCAACTGA ATCAGCAGTT GATGCTGCTA	4080
5	AAGCAGCCGC TGTTCAAATT CACAACCTTAT TAGGTATTCA ACCTTTTGCA CGCTGCTTTG	4140
	AAATGAAAGA AGCTTGTTAT GCTGCAACAC CAGCAATTCA ATTAGCTAAA GATTATTTAG	4200
10	CAACTAGACC GAATGAAAAA GTATTAGTTA TTGCTACAGA TACAGCACGT TATGGATTGA	4260
	ATTCAGGCGG CGAGCCAACA CAAGGTGCTG GCGCAGTTGC GATGGTTATT GCACATAATC	4320
	CAAGCATTTT GGCATTAAAT GAAGATGCTG TTGCTTACAC TGAAGACGTT TATGATTTCT	4380
15	GGCGTCCAAC TGGACATAAA TATCCATTAG TTGATGGTGC ATTATCTAAA GATGCTTATA	4440
	TCCGCTCATT CCAACAAAGC TGGGAATGAAT ACGCAAAACG TCAAGGTAAG TCGCTAGCTG	4500
	ACTTCGCATC TCTATGCTTC CATGTTCCAT TTACAAAAAT GGGTAAAAAG GCATTAGAGT	4560
20	CAATCATTGA TAACGCTGAT GAAACAACCTC AAGAGCGTTT ACGTTCAGGA TATGAAGATG	4620
	CTGTAGATTA TAACCGTTAT GTCGGTAATA TTTATACTGG ATCATTATAT TTAAGCCTAA	4680
	TATCATTACT TGAAAATCGA GATTTACAAG CTGGTGAAAC AATCGGTTTA TTCAGTTATG	4740
25	GCTCAGGTTT AGTTGGTGAA TTTTATAGTG CGACATTAGT TGAAGGCTAC AAAGATCATT	4800
	TAGATCAAGC TGCACATAAA GCATTATTAA ATAACCGTAC TGAAGTATCT GTTGATGCAT	4860
	ATGAAACATT CTTCAAACGT TTTGATGACG TTGAATTTGA CGAAGAACAA GATGCTGTTC	4920
30	ATGAAGATCG TCATATTTTC TACTTATCAA ATATTGAAAA TAACGTTTCGT GAATATCACA	4980
	GACCAGAGTA GTCGGTGTAT TTAAAACACA TATAATAAAA CCTAAAAGCA GCAGTAAGAC	5040
35	CACTTCTAAT TGAAATCGTC TTAGTGCTGT TCTCTATTTA TAACACTTCG TATTGAATGA	5100
	ATTCATTATG CCTATTTGAC ACATTATTGA AGTTTTCCTA ATGCCTGGAT CCTTTATACG	5160
	TTACGGCTTC GTGCTATGTT TTGGTACATA AAGCTTTGAC ATATCGATAT TCTCCAACTC	5220
40	TAACAGCTTA ATTTTATTAT TAATCGTTCC ACCGAACCCT GTTAAGCTAC CCGTTTTACC	5280
	GACAACACGA TGACATGGCA CGATAATAGA TAATGGATTA CTTCCGACTG CACCTCCAAC	5340
	CGCTTGGGCT GACATTTTTG GCTTGTTAAG CAGCTTGCTT ACTTTTTTGG CAATAGCACC	5400
45	ATACGTTGTT AGAGTCCCAT AAGGAACCTG TCTTAATTCA TTCCAAACAC ACTGTTGAAA	5460
	ATGACTACCT GTTGGCTTTA AAGGTATTGT GATTTCAAGG TTGTCACCTT TAAAATACGC	5520
	GTCTAACCAC TGTGTCGCCT CTCTAAATAT CGCTAAAGAC GTATTTTCTT CCCTAGTACC	5580
50	ATCACCTTGT TGATTTTCAA ACAAACAGC GGTCAGACTT ACCCCATCAC TCAAAAGTTC	5640
	CAATCGTCCT ACAGGCGAAT CATAGTAACT CTTATACTCC ATAAAAATTC CCCCTTTTTC	5700

55



	ATAAGTCGTC AATTACGTAT ATAAACACGT AATACCAGCT ATCACTTTGC TGCAATATAC	5820
	AGTTACATAT CTTACTACAC GTGCTAACCT CTTACTTTGT AAACCAAATC TTAAATTAAA	5880
5	ATATTGAAAA TGCAATGAAT CCTTAATATT TTATTAAACC TATAATTACT TATTAAAAAT	5940
	AACACACAAT ATTCATAAAG TTTTAAAAAT ATTCTGTTTT ATCACCTACT ATTAGTGGAA	6000
10	AAGTACAATT GCAATTGTAT ATAGTTTGCA TAACGCTTCA AAAGTAATTT CTTTTTTGTT	6060
	TAGTTCAAAA AAATTTAGAG GTGATGTTAT ATGAATAACG GTTTTTTCAA TAGCGACTTT	6120
	GATTCAATTT TTCGAAGAAT GATGAAAGAT ATGCAAGGT CAAATCAAGT CGGAAACAAA	6180
15	AAGTACTATA TTAATGGTAA AGAAGTTTCA CCTGAAGAAC TAGCGCAACT CACACAACAA	6240
	GGTGGCAATC ACTCTGCTGA ACAAAGTGCG CAAGcTTTT CACAAGCAGC ACAAAGACAA	6300
	CAAGGGCAAC AAGGTGGCAA CGGCAATTAT TTAGAACAAA TTGGTCGTAA CCTTACGCAA	6360
20	GAAGCACGTG ACGGTTTATT AGATCCAGTC ATTGGTCGTG ATAAAGAAAT TCAAGAACT	6420
	GCTGAAGTTT TAAGTAGACG AACTAAAAAC AATCCTATAT TAGTTGGAGA AGCTGGTGTT	6480
	GGTAAACTG CGATTGTTGA AGGTTTAGCA CAGGCAATCG TTGAAGGAAA TGTACCAGCA	6540
25	GCAATCAAAG ACAAAGAAAT TATTTCTGTA GACATTTTCAT CATTAGAAGC TGGAACGCAA	6600
	TATCGTGGTG CTTTTGAAGA AAATATTCAA AAATTAATCG AAGGTGTTAA ATCTTCACAA	6660
	AATGCCGTAC TATTCCTTGA TGAAATCCAT CAAATTATCG GTTCAGGTGC CACAGGAAGT	6720
30	GATTCAGGTA GCAAAGGGTT ATCTGATATT TTGAAACCTG CATTAAAGTCG TGGTGAGATT	6780
	TCTATTATTG GTGCAACAAC ACAAGATGAA TATCGAAACA ATATTCTTAA AGATGCTGCA	6840
35	TTAACGCGCA GATTTAATGA AGTGCTTGTT AATGAACCAA GCGCTAAAGA TACTGTTGAA	6900
	ATTTTAAAAG GTATTCGCGA AAAATTCGAA GAACACCATC AAGTAAAATT ACCAGATGAC	6960
	GTATTAAAAG CATGTGTTGA CTTATCAATT CAATATATTC CACAACGATT ATTACCAGAT	7020
40	AAAGCAATCG ATGTGTTAGA TATTACAGCA GCACATTTAT CTGCGCAAAG TCCAGCTGTC	7080
	GATAAAGTTG AACTGAAAA ACGAATTTCT GAATTAGAAA ATGATAAACG TAAAGCAGTA	7140
	AGTGCTGAAG AATATAAAAA AGCTGACGAC ATTCAAAATG AAATCAAATC ATTACAAGAT	7200
45	AAATTAGAAA ATAGTAATGG TGAACATACT GCTGTTGCTA CAGTTCATGA TATTCAGAT	7260
	ACTATTCAAC GATTAAGTGG TATTCAGTT TCTCAAATGG ATGATAACGA TATTGAACGT	7320
	TTAAAAATA TTTCTAATCG TTTAAGAAGT AAAATCATAG GTCAAGATCA AGCTGTAGAA	7380
50	ATGGTTTCAC GTGCAATTCG CCGTAATCGT GCTGGGTTTG ATGACGGCAA CCGTCCAATT	7440
	GGCAGTTTCC TATTTGTTGG CCCTACTGGT GTTGGTAAAA CAGAGCTTGC TAAACAATTA	7500
55		

	GACACAACAG CTGTTTCAAA AATGATTGGT ACAACTGCTG GTTATGTTGG TTATGATGAC	7620
	AATTCAAATA CGTTAACTGA AAAAGTACGC CGTAATCCAT ACTCAGTCAT TCTATTTGAT	7680
5	GAAATCGAAA AAGCAAATCC ACAAATTTTA ACATTGTTAT TACAAGTAAT GGATGATGGT	7740
	AATTTGACTG ATGGTCAAGG TAATGTCATC AACTTTAAAA ATACAATTAT TATTTGTACA	7800
	TCAAATGCTG GCTTTGGCAA TGGCAATGAC GCTGAAGAAA AAGATATTAT GCACGAAATG	7860
10	AAAAAATTCT TCCGCCCTGA ATTCCCTAAC CGCTTCAACG GCATCGTTGA ATTCTTACAT	7920
	TTAGATAAAG ATGCATTGCA AGATATCGTC AACTTATTAT TAGACGATGT ACAAGTTACA	7980
	TTAGACAAAA AAGGTATTAC GATGGACGTT TCTCAAGATG CGAAAGATTG GTTAATTGAA	8040
15	GAAGGCTATG ATGAAGAATT AGGTGCACGT CCATTAAGAC GTATTGTTGA ACAGCAAGTA	8100
	CGTGACAAAA TTACAGATTA CTATTTAGAT CATAACAGAC TTAAACATGT GGATATAGAT	8160
	GTTGAGGATA ACGAATTAGT CGTAAAAGGT AAATAACGAC ACTTTAACAT ATCGCGCATC	8220
20	AAAAATGAGC ATCAGGTCGC CCTTGCCTGT GCTCATTTTT TTAATTATTT CCCTGGAAAA	8280
	TGATTGCTG TGTGCTGTTT TGTTCACAA CAATCAGCAT TAATGTCACA TGTACCACAT	8340
	TTTCCTTGTT TTGAACGCTT GAAAAATTTT ACTAGTGTAT ATAAGGCATA TCCGAAAATT	8400
25	GCTAAAAAAA TTAAATGTT AATAATGACT GACACTTTAA CCACTCCTTA AACAAATAAA	8460
	TGTCCGACTT GATAAAAAAT GAATGTTAAG ACATATGCAG TGAAGTAGAG ATAGGCAACT	8520
30	GCAAGTGCCG TCCATTTCCA TGAATAAGTC TCTTTACGGA TTGCTGCTAC TGTAAGAAACA	8580
	CAAGGAATAT ACAATAGTAT AAATATCATA AATGCATACG CAGATAGCGG TGTGAATTGA	8640
	TTTTGAATCA CATTAAACAAG GCCTGCATCA CCTGATGAAT AGATAATCGC CATCGAACTT	8700
35	ACGATAACTT CTTTTGCTAA AAATCCTGGC ACTAACGTAG CACCTGCTTG CCATGTTCCA	8760
	AATCCGAGCG GTTGCACTAA CATAACAAAG AACTACCAA CCATATGTAA AAAACTTTGA	8820
	TTGATATTCA CATTGATACC ATGTGGTCCT ACATAACTTA ATAGCCAAAT GACTACTGAG	8880
40	CCGCCAAAAA TAAATGTACC TGCTTTACGA ACAAAGCCCT TAGCCTTTTC CCAAGTACTA	8940
	CGCCACAACG TTTTAATGGA AGGCACACGG TATGTTGGCA ATTCCACAAT AAAGATTGCA	9000
45	TTATCATTTT TTAAAATCGT CTTAGTAAGT ACTGTACTGA CTAAAAATGC CATAATAATA	9060
	CCTAAAACAT ACAGGCTTAA TACTACTAAA GATTGATTCT CTTTGAAAAA GATACCTACG	9120
	AACAACGCAT AACTGGCAG TCTAGCAGAG CATGACATGA ATGGTGCAAT TAATATCGTT	9180
50	GTAAACGCT CTTTTTCATT TTCAATACTG CGCGCAGCCA TAATACTCGG TACATTACAA	9240
	CCAAATCCGA TAATCATTGG TATAAAAGAC TTCCCGCTTA AACCGAACGA TTCCATAATA	9300

55

	AAAAAGAGCA CAACAATTTG TGGTACAAAG ACTAATACTG ATCCTACACC AGCAATAATG	9420
	CCATCTGTAA TTAAATCTTG TAAAAATGGT ATAACACCAA GATAATTCAT AATCGTCTTC	9480
5	ACACTATCTG TAAATGTACC ACCTATAAAT GCATCGAGTT GATCCGACAA AGGTGTGCCA	9540
	ATCCATGTAA ATGTAGTTTG AAAGATCAAC CACATAATTG CTAGAAAGAT AGGCATCCCT	9600
	ATATATTTAT GTGTTAATAT CTTGTCTATT CTAGAGCTGA AATATTGCTT ATCTTCATCT	9660
10	GGATACGTTA CCACGTCTTG CAATAACGTC TCAATATAAT GATTGCGTAT ACGCTCCATC	9720
	TCTCGACGAA CAGATACAGC CCCTACTTGT TCAGCAACTT GATCACGTAA ACTCGACAAT	9780
	TTATTTACAA CCTCTGAATT AAGTTCGTTT GCAATTTGCA TGTTATTTAA TAAGAATTGA	9840
15	ATCGCAATAA ACCTAGCTTG ATACTTATCA TGAGATGTCT CTGTCATTAT TATTTGACAC	9900
	ATATTTTTAA TTGTCTCTTC AATCTTCTCA CCATAATTGA TTTTAAAATG CGGTTGATAC	9960
	CCTTCCCCTA GATGCTTTAT TTCGCCAAGT AAATATTTTG TTCCTTTGCC TGTACGTGCC	10020
20	ACAACTGGAA AAATAGGTGT TTTTAACTTT TTCATCAATT TATGATAATC GATTTTTATC	10080
	CCGCGCTTTG TAGCTACATC AATCATATTT AATCCGATGT ATATTGGTTG ATTAAGTTCT	10140
	AACAATTGTA CTGTTAATTG CATATTTCTT TTTAGTTGAC TCGCATCAAC AATGTTAATG	10200
25	ATTCCTGAAA ATGAATCGTT TAATAAATAG TCTGTCACTA CAGTTTCATC TTTAGAAATC	10260
	GGCGATAAAT CATATGTACC TGGTAAATCA ATTAATTGTC CTACATTTTC TTTAAGTTTC	10320
30	CCTACTTTTT TCTCTACCGT TACGCCACTC CAGTTGCCTA TATATTCATA CGAACCAGTT	10380
	AAAGCGTTAA ACAAAGATGT TTTACCAACA TTAGGATTTT CTAAAATACA ATAATTTTCC	10440
	ATTCGTCCGG CTCCTATTCT TCTAATGCAA TAGAACAAGC ATCGCAATGT CTAATACTTA	10500
35	ACTGTTGTCC GTTTACTTCA ATAATACATG GCCCTTTAAA TAAACATTTT TGTTTAATCG	10560
	TTATGATAGC GTCATCTGTT AACCCAAAGG CACTTAGACG ATACAACATA TTCTCATTAG	10620
	CAATATCCAT TCGCTTTATT TTATAAGCCT TATTCATTTT ACCATTTTTA ATGTTTAACA	10680
40	TACTATTTTCG CTCTCCTATT AGAAATAATA ATCATTATCA CTTAAAAATC ATAACCCTTA	10740
	AAATTGTAGC TCGCAATACT TTATTTAAAT AATTTTCATT TTTTCATGTAA AATTTGTGAC	10800
45	ATTGCAAAAA TGT	10813

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 365:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

	(A) LENGTH: 6804 base pairs
50	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

55

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 365:

	TGATGGATTA GCAGACATTT TACGAGCGAA TGGTTTCAAA GTGTTTGGTC CAAATAAGCA	60
5	AGCAGCTCAA ATCGAAGGCT CAAAATTATT TGCTAAAAAG ATAATGGAAA AATATAATAT	120
	TCCAAC TGCT GATTATAAAG AAGTTGAGCG AAAAAAGGAT GCTTTAACAT ATATTGAAAA	180
	CTGTGAATTG CCCGTTGTTG TCAAGAAAGA TGGGTTAGCT GCTGGGAAAG GCGTTATTAT	240
10	TGCAGATACT ATTGAAGCAG CCAGAAGTGC TATTGAGATT ATGTATGGTG ATGAAGAAGA	300
	AGGTACTGTT GTATTTGAAA CGTTTTTAGA AGGTGAAGAG TTCTCGCTAA TGACATTTGT	360
15	TAATGGTGAT TTAGCAGTAC CTTTCGACTG TATTGCACAA GATCATAAAC GCGCATTTGA	420
	TCATGATGAA GGACCAAATA CTGGTGGTAT GGGGGCTTAT TGTCCmgTAC CACATATTAG	480
	TGACGATGTT TTAAmACTTA CAAATGAAAC AATTGCACA w CCCATTGCAA AGGCAATGCT	540
20	TAATGAAGGT TATCAATTCT TCGGTGTATT ATACATTGGT GCTATTTTAA CTAAAGATGG	600
	TCCAAAAGTA ATAGAATTTA ATGCCCGTTT TGGTGATCCT GAAGCTCAAG TATTATTAAG	660
	TCGCATGGAA AGTGATTTAA TGCAGCATAT TATTGATTTA GATGAAGGAA AACGTACTGA	720
25	ATTCAAATGG AAAAATGAAT CTATTGTAGG GGTCATGTTG GCATCAAAAG GATATCCTGA	780
	TGCATATGAA AAAGGGCATA AAGTAAGTGG CTTTGATTTA AATGAAACT ATTTTGTTAG	840
	TGGATTAAAG AAGCAAGGTG ATACCTTTGT TACTTcAGGT GGTAGAGTTA TACTTGCCAT	900
30	CGGAAAAGGT GACAATGTAC AAGATGCACA GCGAGACGCA TACAAAAAG TATCACAAAT	960
	ACAAAGTGAC CATTTATTCT ATCGTCATGA CATTGCGAAT AAAGCACTAC AACTTAAATA	1020
	AGTAAATTTA AAATACTAAG aTTAGCTATG AACGAATCTA TAACGATAGA TTTTTTCATA	1080
35	GCTTTTTTAG TTGTAGAGTC TAGGACATTG ATTTCTGTAC CAAATTTGTG ATTATGCATA	1140
	TGTAATACAA AAGAGGCGCC ACAACATGTT TGGATGAACA AAATAACATG TTTGTGGCAC	1200
40	CTCTTTTGTT TAGTATGGAA TAAATGGTTT TCTTTTTCTA TACAATGAAT TTCTAATTTA	1260
	GTATCTATAC AATTATGGAT AAAATTTAAC CTACACGACC AAGACGAACA TCATCTATGC	1320
	CCGTGATGGG TAAGGTGATT GAACAATAAT ATGCCATAGT AATAATGGCA ATTAAACTA	1380
45	TAATAAGAT TATATCTTTA TATGAGAAAG GTACGTTGTA ATAGTAAGTA CGAGGACCAT	1440
	CTCTAAATCC TTTCGACTCC ATCGCAACTG ATAATTGATG TGCCTTTCTA ATATTTTGGC	1500
	TTAATAGAGG TATAATTAAA TGCTTAAATC GCTTTAACCC TCTATAATTT GCCGCGTCTA	1560
50	TCATCTGATA GCGCATTTTT AAAGATCTGC GAAgcTGTA t TAAAGAACTA ATCATTAAAG	1620
	GTATCATACG AATGCCAGCC ATGAATGCAT AAGCAACTTT TGATTTAACC TTTAAATGTT	1680

55

	ATGAAATAGC AATGGTTCTT AATGATACAT GTAAACCACG AACTAAACTT TCTGTTGTAA	1800
	TATGGATAAA TCCGAATTTT AAAATTGTAT GGCTACCATT CCCGTATAAA ATCATGAACA	1860
5	GGGAAGAGAG TAATGCAAAG CCAATACTTA TAGTTATAAA AATTGCTGTA ATTTTAAACT	1920
	GAGTACCATT AAACATCAAT AAGAAAATA ACATTAAGAT AGTGATATAA AGCATAAAAT	1980
	CGAAATTATG CACAAATATA ATAAAGAAAA ATAGTATAAT TCCAAGAAAT AGTTTCGTTA	2040
10	TAATGTTGAC ATCATCAACA AATGATTGCC GAACTTTCCA TTGCTCATAC ATTCGTATCA	2100
	CCATCACAAT CTAGTAACGC ACCATCTGAA ATTTTAAGTC TTCTTGATGG ATAACGTTCA	2160
	ATTATTTTCA CGTCATGTGT AaCCATGACA ATACTTTGTC CCAAATTAAT TCGCTTTTGG	2220
15	AAAAGTTTGA TCAACTGGAA TGTATTATGG CTATCAAGTC CAAATGTCGG TTCATCTAAA	2280
	AAGATAATAT CAGCTTTAGA ACTTAGTGCG GTAgcTACGC TAAGGCGTCG TTTTGGACCA	2340
	ATAGACAACT CATAAGGATG TTGATCTTTT ACATTTTGTA AATCTAAAAG TTTTAAAAGT	2400
20	TGTATCGTTT CATCATCACT TTGATCTTTA GAAAGGTGAT TAAATGAAT GTTAATTTC	2460
	TCATAAACCG AATTTGTTAT AAATTGTAAT TCTGGGTTTT GATAAACTAG GTACATGTGT	2520
25	TTTGCTGCAT GTTTAATTTT TGTTAAACGC TGATTTTCAA AATAAACATC ACCTTGATAT	2580
	TTAATCAATT GCATAATTGA TTCAAGCAAG GTTGTTTTAC CACTACCATT TGCCCCTGTA	2640
	ATTGTAATCC ACTCACCTAG ACCAATTTCT AAATCTGAGA ATGAGAGCAA TGTTGATTTA	2700
30	CCGCGAATAA TACGTCCATT TTAAATTGT AATAAGTGTG AGTTTGTTGT TGGAAAGTCA	2760
	ACACGACTTG GTGCGAATTC CCATGCACGT GGATGCCACA CACCATATTC ACTGAGTAAA	2820
	TGAACATACT TCTGTAATAT GATTTTCAAG CATTTCATCGG CAATGATATT TCCGTTATAA	2880
35	TCCATCAAAA TGACGCGGTC GACATGATTC CAGATGTGTT TAACTTTATG TTCAACGATT	2940
	ACAACCGTTT GATCTTCCCA AAGTTCAATT AGTTTAGTCC ATAAATCTTC TGTTGCTTGA	3000
	ACATCTAACA TTGCTGTCGG TTCATCTAAA AACAATGTTT TTGATTGTTG AAGAATGGTT	3060
40	TCAACAATTG CCAATTTCTG TTTCATCCCG CCACTTAAAT CTTTGATATA CGTTTCAGGG	3120
	GTAACATTTA AATTGACCAT ATTTAAAGCA TTGATAATTA ACGCATCCAT GTCTTCACGT	3180
	GGTAATTGTC TATTTTCTAA AACGAATGCA AGTTCTTCGT ATACTTTTGG CATACAAAAC	3240
45	TGGCTATCAG GGTCTTGGA AATAACGCCA CTTAATGGGT CAACGATTAG TTCATCATAT	3300
	TTCATAGGTA ATTCAATTAA ATTAGGAACA ATACCACTTA ATACATTCAG AAGTGTAATT	3360
50	TTACCGCAAC CAGAAGGACC GAGTAAAAGT ACTTTTTCTT TGTCTTGAAT AGTGATATTT	3420
	AAATGATCGA AAATTTTACG TTGACCACTT GGATATTTTA ATCGTAAATC ACTTACTTTT	3480

55



EP 0 786 519 A2

	ATTTTGTTAC GCCTGTCTTA TCTAAAGCTT TTAATAAAAG GTAAGATAGG ACGCCGGCGA	3600
	CTACTGCACC ACTAATTAAT CTAAATACGA TGAATAATGT TAAGTTCCAA CCTGCAACTT	3660
5	CATTTAAATA ACCATAGAAA TAATCTATCG GGAAAGCCGC GATTGCTGTA CAAAAACCTG	3720
	CTAACATAGC TACCATAACT GAACGTGATT GATATTTAAA AATTGCAAAG ACAAGTTCAC	3780
	ACGCTAAACC TTGTATAAAA GCGTAAACGA TTGTCGGAAT ATCGAAACGA CCCATAATGA	3840
10	TAGTTTCGCC GGCACCTGCA GCAAATTCAG CCAGTAAAGC AATACCTGGT TTTGGAATAA	3900
	TTAGATAGCA GACAATCGCT GCCATGAACC AAACCCCGTT TGTTAATTGT TCGAGGTGAA	3960
	GGCCTGTAGC TTGCACACCA TTGTAAACAA ACCACCATAA ATTGTAAATA ACTGCGAATA	4020
15	CTACTGAAAT AAGTACGGTT ACTAGTATTT CAGATAGCTT TAAACCTTTT GACATTTTTA	4080
	CATCCTCCTA ATAAAAAAC GCACAACCAT CCATAGGAAA GTTATGCGTT CACAATATAT	4140
20	ATTAGTAAAA CATATGTATA GTAACACTTT CCTACGCTAG TTCAAGCTAG ATCAGGTTCA	4200
	AAGGGTTTGA GGGCAAGCCT CATCTCAGTA TAAACACCCC CTAGTGTGTG CGATTTATTT	4260
	AATTAATTAT ACTGTAAGAC GTTTGTAAAC TTATGTCAAT AGGTTGTCTT CATGAAATTT	4320
25	CGTTTAATTC GATTTAAAAT TTATAATATT AGCATTGGAT TTAAATTGAA GATGTAGTAG	4380
	GAATGTTAGT AATTAAAGAT ATAAAAATAT GTGACATGTA ATAATATTGA GCTGATAAAT	4440
	GAAGAGGGAT ACTTATCAAT CATACCTCTT TAACAACAGT GAAGAACCCG TGCATAATGG	4500
30	CTTACGAATT ATAGTTTATA AGGAAGAAGA GGGATACATG CGCCGAGCAC ATGCATAAAA	4560
	GCCCCTAACA ACTAAAAGTT GTAAGGAAGG AGAGGGATAC ATGCGCCGAG CACATGCATA	4620
	AAATCCCCTA ACAACTAAAA GTTGTAAGGG GATTTAAATT AATTTAGTGT ATCTTGGATA	4680
35	TCTTGTTTTG kTTGaTTAAT ATCTTCTGTT TTTTCTTCTT TTTTATCTTT TAATTTTTCT	4740
	TCAACTTCTT TAGCTTTTTT TGCTGCTTTT TTATTTTGAT TTTCATTAGA CATGATTAAT	4800
	TCCTCCCAA TTGGATAATT ATTTATATAT AAATCTTACC CGGTTGTACT TTCGTTAAAC	4860
40	TTTTCTAAGT CTATAGCACT ATTTATTCAT TTATCTAAAG ACAACAACAT TAGATTAATA	4920
	TATAATGATT TTGAGGTGAA CATAATGTCT TTTCTTAGGA AACACGCCGA AATTATTTTT	4980
45	AGCTATTTAA TCGGTmWCGT TcACTCTTCA CTGGkcTCAT TATTTTAATT AACTTGCCAT	5040
	TAATTAAACA ATTAAATGGT GGTAAAAAAG TTGATACACA TGTTCATAAT GTGTGGGAAT	5100
	TTCTGAATGC ATTTTTCAGT GAAATTATTA AAGTAATGAG TCGATTTATA GGTAATTTCC	5160
50	CtATAGTTAG TGCAATTGTG ATAATTATAT TCGGTATTTT AGTTATGTTG ATTGGTCATA	5220
	CATTACTTAG AACTATTAAG TATGACTATG ATATTTCTAT CTTTTTCTTA GTTATCGGTA	5280

55

TTTTCATTAT TCCATTTACA ATTCATATAG GATATATCGT CTATAAAGAT GAATTGAATC 5400  
 AGGAAAATGT AAAAAATCAT TTCATGTGGA TAATTGTGAG TTATGGTATA AGTTACTTAA 5460  
 5 TTACACAAAT TGCATTGTAT GGCAGAATTG ATGCTAATGA AATAGAGTCA ATTGATATCT 5520  
 TAAGTGTCAA TGCTTTCTTT ATAATTATGT GGTACTTGG TCAAATGGCT ATTTGGAATT 5580  
 TCTTGTCTT GCGCCGAGCT TTACCTTTAA CAAAGCAAGA ATTAGGTGAA GAGGAGCCAG 5640  
 10 AATTATCAAG AACAAGTAAA GGGAATGTCA CGAATCAAAC TAAATTCAC TTGAAACAAC 5700  
 TCCAAGATAA GACTACAGAA TATGCACGTA AGACAAGAAG AAGTGTCGAT TTAGATAAAA 5760  
 TTAGAGCTAA AAGAGATAAA TTCAAAAAGA AAGTTAATGA TATTATCGAT ATTCAAGAAG 5820  
 15 ACGATATTCC TGATTGGATG AGAAAACCGA AATGGGTAA ACCAATGTAT GTCGAACTAT 5880  
 TTTGTGGTGT CGTCATCTTT TTATTCACAT TTTTAGAATT TAATAATCGT AATGCATTAT 5940  
 20 TTGTATCTGG TGATTGGAAA TTATCACAGA CACAATATGT TATTGAATGG GTTACATTAT 6000  
 TAATTCTGTT ATTCATTATT ATCGCATATA TCGCTACAAC GTTAACTTTC CACTTGAAAG 6060  
 GTAAGTTTAA TTATTTACAA TTATTTATGG GGAGCATTTT ATTCTTTAAA TTGTTAACGG 6120  
 25 AATTTATAAA TATAATGATT CATGGACTAT TACTTTCAGT GTTCATTACG CCAACATTAC 6180  
 TATTAATGTT ATTGGCAATC ATCATTCTT ATTCTGTACA ATTACGAGAG CGACCATAAT 6240  
 TAAAAGCATT ATAAAAGTAC TATCTATTAA ACATTTTGAT GTGTACGCTA TAAGTTAGAT 6300  
 30 ATATCTCTAA CTTACTTAGA TACAGGTCAA TGAAGTTTAT GGATAGTACT TTTTTTGTA 6360  
 CTAGATTTGA TTGATTCAGG TGATGTGAAT TAAGTATTGA TAATTGTATA CAAAGTTTAA 6420  
 GTGCAAATAA AATAGTTGAA AAGTTATCCA TTTGTAAAAT CAAGAAAAC AGTAAATAGT 6480  
 35 TGAAGCGACT TATGGaATTT GCGAAACGAT ATATAGTATT TCCTTTGTAG AAATTTmACA 6540  
 TATATCATT CAAATTACTAA TTTGTAAAA TCAACAGTAA GATTAGAAGT AGATGATATT 6600  
 GAAATTTGGC AAACAAttTA ATCTATATAA AACTACAACG AAACACAGAA AGGAAGTTGT 6660  
 40 CAGATGAAAA TAGCAACTCT GAACAAAGGC AAAGAAACAA AATATTTTAA TCGATATCCT 6720  
 TTAATTGAAG AAGAGGATAT CTATTCACAA GATCATTTAA AAGAAGGAGA TATTTTCAA 6780  
 45 ATTGTGACTG ATAAATCACA ATAT 6804

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 366:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1717 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 366:

	aaaAGAGACG CATTaAAACA AGCTATACAA ATTATCGATA AATTAACATG GGGTGTTTAG	60
5	TGGTGGTTAA AGAAATTTTG AGACTATTAT TCTTACTAGC GATGTATGAG CTAGGTAAGT	120
	ATGTAAGTGA GCAAGTATAT ATTATGATGA CGGCTAATGA TGATGTAGAG GCGCCAAGTG	180
	ACTTTGAAAA AATCAGAGCT GAAGTTTCAT GGTAATAGCT ATTATCATT TTGAATTAAT	240
10	TATATTAATG TGTGTAGCAA TAGCACTGGA GGTGTTGTAA ATATGTGGAT TGTCAATTCA	300
	ATTGTTTTAT CTATATnTTT ATTGATCTTG TTAAGTAGCA TTTCTCATAA GATGAAAACC	360
	ATAGAAGCAT TGGAGTATAT GAATGCTTAT CTTTTCAAGC AGTTAGTAAA AAATAATGGT	420
15	GTTGAAGGTT TAGAAGATTA TGAAAATGAA GTTGAACGAA TTAGAAAAAG ATTCAAAAGC	480
	TAAAGAGAGG CGTTGGCTTC TCTGCTCTAT CyAAAATAAT GAAAGGAGCC saACATGTTA	540
20	GaCmAAGtCA CTCAAATAGA AACAAATAAA TATGATCGTG ATGTCTCATA TTCTTATGCT	600
	GCTAGTCGTT TATCTACACA TTGGACTAAT CACAATATGG CTTGGTCTGA CTTTATGCAG	660
	AAGCTAGCAC AAACAGTTAG AACTAAAGAA GATTTAACTG AGTACAATAA AATGTCTAAG	720
25	TCTGAACAAG CCGATATAAA AGATGTTGGC GGATTGTGCG GTGGATATTT AAAAGAAGGC	780
	AAACGGCGTG CTGGTCAAGT CATGAATCGT TCAATGCTAA CACTTGATAT CGATTATGCA	840
	GCCCAAGATA TGAAGTACAT ATTATCTATG TTTTATGATT TTGCATATTG TTTATATTCA	900
30	ACACATAAGC ATAGAGAGAT AAGTCCAAGA CTGCGTTTAG TGATTCCTTT AAAACGAAAT	960
	GTAAATGCAG ATGAGTATGA AGCTATTGGG CGTAAAGTCG CAGATATCGT TGGCATGGAT	1020
	TACTTCGATG ATACAACTTA TCAACCACAT AGGTTAATGT ATTGGCCTTC AACTAGTAAC	1080
35	GATGCGGAAT TTTTCTTTAC CTATGAAGAT TTACCTTTGT TAGACCCAGA TAAAATATTA	1140
	AATGAATATG TTGATTGGAC TGACACATTA GAATGGCCAA CGTCTTCAAG GGAAGAGAGT	1200
	AAGACTAAAA GATTAGCAGA TAAGCAAGGC GACCCAGAAG AAAAGCCGGG AATTGTTGGT	1260
40	GCATTTTGTA GAGCCTATAC GATAGAAGAA GCTATAGAAA CTTTTATTCC TGATTTATAC	1320
	GAAAAACATT CTACTAACCG TTATACCTAT CATGAAGGTT CAACTGCAGG TGGATTGGTG	1380
45	TTATACGAAA ATAACAAGTT TGCCTATTCT CATCATAATA CGGATCCCGT AAGCGGTATG	1440
	CTTGTGAACA GTTTTGATTT AGTACGCATA CACTTATATG GTGCTCAAGA TGAAGAACT	1500
	AAAACAGATA CTCCGGTTAA TCGACTACCT AGTTATAAAG CAATGCAGCa AAGAGCGCAA	1560
50	AATGATGAGG TTGTTAAAAA GCAATTAATT AATGACAAAA TGTCTGATGC AATGCAGGaT	1620
	TTCGATGAAn GAGAAAATAG CGATGATGCA TGGTCTGAGA CGTTnGAAAT TACTTCGAAA	1680

55

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 367:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1847 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 367:

AAGATTAGGC ATCAAGACAG GGTCCGATT GTTTGAAATC CCACATAGnA ATGATATTTa	60
CaTTATCAAT CCaAGTATGC GTAAATATCT TAATGTTTCA GTTGCTATTT CTAAGATTGC	120
ATTGCGTTAT ATTCCACCTG AAGATTTACA CCAATATAGT ATTGACGAAT TTTTATGGA	180
TGTTACTGAT AGCTATCATA GATTTAGTTC TACAGTACAT GCATTTTGCG AAAGACTTAA	240
ACGTGAAATT TATGAAGAAA CAGGCATTTA TTGTACTGTG GGCATTGGTT CTAATATGTT	300
ATTAAGTAAA ATTGCTATGG ATGTTGAAGC GAacATAGTc AAAATGGTAT AGCTGAATGG	360
CGATATCaAG ATGTACCAAC GAAATTATGG CCAATTCmGC CCtTGCGAGA TTTTGGGGT	420
ATTAATCGTC GAACAGAAGC CAAATTGAAT AAAAGAGGAA TTTTACTAT AGGAGATTTA	480
GCGAAATATC CATATAAATT TTTAAAAAAA GAGTTCGGTA TTTTAGGTGT TGATATGCAT	540
CTACATGCGA ATGGGATAGA TCAGAGTAAA GTACGTGAAA AGCACAAGAT CAGCAATCCA	600
TCGATATGCA AAAGTCAAAT ATTAATGAGA GATTATCATT TTGATGAAGC AAAAGTAGTA	660
ATGCAAGAGT TAATTGAAGA TGTTGCTAGC AGAGTTCGAG CAAGAAAAAA AGTGGCAAGA	720
ACGATACATT TTGCCTTTGG CTATAGTGAT GAAGGCGGTG TACATAAGCA ATATACTTTG	780
AAAGATCCAA CAACTTAGA AAAAGATATT TATAAAGTAG TAATGCATTT CGCAGATAAA	840
TTATGTAATA AACAAGCACT ATATCGTACG CTAAGTATAT CTTTGAGTCA ATTTATTAAT	900
GAGGATGAGC GACgTTAAGT CTGTTTGAAG ATGAATACCA ACGCAAACGT GACGAATGTC	960
TAGCTAAAC GATAGACCAA TTACATTTGA AATACGGCAA AGGTATTGTG TCCAAAGCAG	1020
TATCGTTTAC AGAAGCAGGT ACAAACACG GCAGATTAGG TTTAATGGCT GGACATAAAA	1080
TGTAATGACT ATACGGTTTA AGTAATATAT AACTGTGATT CGTATAAAAT AAGTCTCTAA	1140
AGATAAATAT TTCATATATC ACAATAGATT TTCACAATAA TATCTAAGAA TACATGGAAT	1200
TTATCAAAAG AGACTTAATA ATTATTGGAT ATAACAATCA AAATCACTCA ATGCTTGCAT	1260
ACCGCGTTCT CGGTCAGTAG GGTTTTGAA ACTAATTTTT AAAGCACCGT ATATATCTTC	1320
GCGTACTTCT AAGATTCTTA AGTTGCTTAT AGATATGTTA TGTAAACTCA GGATATAAGT	1380

TAGTCCACCT AGTTGTTTAG CGGGTAGTGC GTCGCGATAC GATTTAGCTT GGGCAAAAAA 1500  
 TGATAACAAT TTTTCAGAAT CATTGCTTTC AATTAGTCTT TCTAAATCTT GAAACTGACT 1560  
 5 TTTTAGCTGT CGAATCATT CTAAAATATA CGTTTTATTA CTCAAGGTGA TATCTTTCCA 1620  
 CATTGTGCA TTACTACTAG CTATACGAGT GATATCACGA AAACCACCAG CTGCAAGTTT 1680  
 ATTAATAAA TGATGTTCTT GACCGTTCTT TTGACTAACA TGAATAAAC TAGATGCAAC 1740  
 10 GATATGAGGT AAATGACTTA CGACGCTTGT TACGTAGTCG TGTTCCTCAG CAGTAGTTAC 1800  
 AATAAATTTA GCAAGAGTAG GTGATAACAG TTCTTTTAAC GTGTTTG 1847

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 368:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 494 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - 20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 368:

25 AACAAAGGC ATAAGTTCGT GAATTAATGC GTATACAAGG ATAAAGCTTA TAACAGTAGT 60  
 AATTGTTGCT ATCAAACGAA CAACATATAT TCTATTTTCA GATAGCAATC GATTCACTAA 120  
 TCGATAATTT ACGTATACAA GAATTAACAA CAGCACAATA TAAACAATAA TCATATTTGG 180  
 30 CCCCATTTAA TTTTAAATT TGTTTTCACA TCATTTTCTA CTTTATTATC ATACTAATTT 240  
 TAAAGGCAAA GGTGGACATC GGCAACCTCT CGTAAACTAT TTATCAAAA TAAACGTATC 300  
 TCATTGTTAT GATATTTATA AATCAATTCG TTTTATTAA AGTCTTTTTC AACAGTTTG 360  
 35 TCACTATCTA TTAAATAATC ACGCATGCAT CCTTTAAGA AATCATCTTT ATAACTGGT 420  
 GTGTACCAAT TTCCATCCTC TTCAATGACA ATGTTGCCAA TATCAAATTC AAGGACCTTG 480  
 40 CCGTCCTCTG AAGT 494

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 369:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 2518 base pairs
  - 45 (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 369:

50 GTCCATATTT CCCGTCCAAC CAACTAAAAA TGGGTAAATC CCTGGATTa AATCTACTTC 60



	GATAATTTCT	AATGTAGCGA	CCATCATTAC	GAGATGATTT	GATATAAGCA	CAGTTTGGAT	180
	GTTGACCAAT	ACTATCGCCT	TCTTCTTCGA	TGATATCTAT	TTAATACCA	TCATCAGCTG	240
5	CAATTTCTAA	TGAAGATTTA	ATTCGGTTAT	CAAATGTTGA	ATATCCCATT	GCTCCACCCA	300
	CAATAGCGAC	ATCTGTACCA	TGTCCTTGGT	GTGTTTGAGC	AAATGATTCA	TAATAATGTA	360
	TTTCAATATT	TTTAGGAATA	TCTCCCAATA	TTGCGCGTGC	TGAATTCCCA	ATCTTTACTG	420
10	CACCAGCCGT	ATGAGAACTT	GAAGGGCCCA	TCATAACTGG	TCCGATAATA	TCGAAAGCAC	480
	TTTGATAATC	ATAGCTCTTT	GCCATAATTA	AACACTCTCC	TTAATATGAT	TCTTTTGTCT	540
	CGGCATTTTA	AAGTTGATAT	TCATTAAATT	AAACTTATTA	ATTAGTGTTT	CAATAATATA	600
15	GGCTAAGACA	ATGCTGACAA	TAATCACTGT	TGCGATTGTT	ACAATTGATG	TCACTGCATT	660
	ATTAAAGCCA	AACAATACGA	TGGCGCCTGC	AATTGGTGTT	GCCATACCTT	TGACACCTAT	720
20	TACTAGTCCG	CTAAATGTCA	CGATACATGC	GTTGACGACC	CCAATCAGTG	CATTTGTACC	780
	ATATAGTTGT	ACTGGATATT	GCGCTATTAA	ATCAATTTGC	GTCAATGGCT	CAATACAAAC	840
	TGCAAATGCT	TTTGACGGTC	CACCAATGTT	TAATTTTCGG	AATAAAATAA	GGTTAACAAA	900
25	TGAGCTACCT	GTACATGTTA	GTGCTCCAAT	AGCCATAGGA	ACACCTGTCA	GTCCTAATAA	960
	ACTTGTTAAT	ACCATTGAAC	TTAGCGGTGT	CATACCTGTA	ACAGGAATCA	CTAGTCCTAA	1020
	AATGACCGCT	AATGCATATG	GATTGTTATC	ACCTACCGCA	GTGACAGCAC	TACCTATTTG	1080
30	TTTTAATGTT	GCTAGCACAC	CAGGTGTAAT	GATTGATGCA	AGTCCGAAAG	CAATTGCTGG	1140
	TGCAAATAAG	ATCACCACAA	TTAAGTCCAA	GCCTTCTGGA	ACTTTCTTTT	CAATCCATTT	1200
	AATTAAAAAA	GCTACGCCAT	AAGCTGCGAT	GAATGCTGGT	AATAATTTAA	AGTCATGTAA	1260
35	TACTAAACCA	ACAATGACCG	CAAATACTGG	TGCAACGCCT	AAGTTTAAGC	ACGTTAGAAT	1320
	ACCTACTGCG	ATACCGCTTA	AACTTCCTGC	TAAATCCCCA	ATATCTTGTA	GAAATTTAAT	1380
	ATCAAATACG	CCACCAATAG	CATAACTTAA	GAATGCTTGT	GGTAGAAATG	TCGCACAAGC	1440
40	TGCACCGGAT	AATGCTTGTA	GTCCTTGTTT	ACCGTACGGT	GCATACTTTA	AAAATAGCGT	1500
	CATGATCACT	AAAACCAAGA	CTAATGTGCC	TACACCTAAC	AGAATATCCA	TTTCCCAAAA	1560
45	ACCTCTCTCT	ATGTTTATTT	TATTTTCAGA	CCATAAACAT	CGTACACCCT	TAAGAAAACG	1620
	TTTTCAACTT	TTATCTGTTA	TCAAATCAAA	TATTTAAGTG	AAATATTTCA	TATTTGTGAA	1680
	AGATTTTAA	AATGGATTGT	TTCAAAAAC	ACTTATGTTG	TCGTTAATAT	TTACTAATTA	1740
50	ACTTTTACT	CTATATTTCA	AACAGTTGTG	TGACAGTTTT	TTGATAACTT	TTTTACATCT	1800
	GAAAGTAAGT	AATATTTCTA	AAAACTTTAA	ATATTTATAC	ACTTTATCTT	TCGAGCTATT	1860

55

ACACATATAT TTGCAATAAG ATAATTAAAG TAGGATATTA TTTTtagTTT TCTGATAGGA 1980  
 ATGATGATAG TCTATAGGTT GAATCTTTAC TTTTTTTTAA AGCTAAATTT ACATCAACTT 2040  
 5 AACAAATGGTT GGTtATACTG AAGATGAAAA TATTtagTAT AACTtagTGG AGGCGATAAA 2100  
 GGTGCAATTG AGTCATTCCG TTAAAGTTGC AATTTCTATC TATTtagCAC TTATCTTTAT 2160  
 AACGTTCACT TCTTATTtAG TCATTATTTT ATATACGAGT ATGACTGGAC ATGATGTATC 2220  
 10 ACATTTCGTG TTAGATAGTC AGCATTCTCA TCATGGATCT CTTACGCAAA AACATTtGAG 2280  
 TCTTCCTGAA ATCTCATTtA AATAGTTtAT CCTCTGTGTT TCAACATTCA TTTCCCATAT 2340  
 CGATTCATTT ATCTATCATC TAGACCACTA CATCTTAGAT GATTTTTTTA TTTTCTCATT 2400  
 15 TCACTCTTTC TTAAAAGTCG ATATAATGAA TTAAATCATT ATCATACACC GACATATTTT 2460  
 ATGTTGTTGG TGTTAAGTTT aAAGGGGTGA GATACTTGGC GAATaATCaT TCAGCTTT 2518

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 370:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 790 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 370:

30 ATACTACTGG ACCGTCnACC AATTGACAAA ACCTGAAAAC TGGATTTTTTA TTGCAGGATT 60  
 ACATCGAACC TGGAAGAACA ATCCCCAGGA GTTGATGATA TTCGAGATAT GGCATACAAT 120  
 CAAGGTAGTT TAGATAAGAC AATTTATGAA ATTTCTAAAC GCACAGTACT ATTTTTAATA 180  
 35 CAGAAAGATA TTACGGTATA TAATAAGACG ATTGACTGTT TAAATTATTA TAACTATAGT 240  
 GACGAAAGAA TAAAGGATGA TTAAATGAAT TCACAAGAAT TATTAGCAAT TGCTGTGGAT 300  
 GCAATTGACA ATACCCCAGG CGAAGATACG ATTTCTTTAG AAATGAAAGG TATCAGCGAT 360  
 40 ATGACAGATT ATTTTGTTGT AACGCACGGA AATAATGAAC GACAAGTTCA AGCGATTGCT 420  
 AGAGCGGTGA AAGAAGTAGC CAATGAACAA AATATAGAAG TAAAACGTAT GGAAGGATAC 480  
 AATGAAGCGC GTTGATATT AATTGACTTA GCTGATGTTG TGGTACATGT TTTCCATAAA 540  
 45 GACGAAAGAA ATTATTATAA TATTGAAAAG TTATATCAAG ATGCACCATT AGAATCATAT 600  
 AGTCAGGTTG CGTATTAATT ATGTCGCAAT ATGCAGAAAT GAGCCTAGTG TACGATCAAT 660  
 50 TGA CTCAAGA TCAACCATAT GAAAAATGGT TTGAAATTGT AAAAAATCAC TGCAAAGATG 720  
 AATCAAATAT TTTAGATATT GGATGCGGTA CTGGTAGTTa ACAGTTCAAT TAGAAGCTTT 780

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 371:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1823 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 371:

5	ATAGATGAAG GTGCAAATAT TGAAaTAGGT TATTACCTG GACGCTTGAA ATGGTTAGTT	60
10	GCTGATTTAT TAACTAAACA AGGATTAAAA GTAGTTAACG ACGATATGAC AGGAAGAACG	120
15	TTAAAAGATC GTAAATTATT AACAGGTGAC AGTCCTTTAG CTTCAAATGA GTTAGGAAAA	180
20	TTAGCAGTTA ATGAAATGTT AAATGCAATA CAAAATAAAT AATTAAATAT TAATTAGAGG	240
25	AGCCTCATAT GTAAATGTAT GAGGGCTCTT TTTTTGGCA AAATTTAAGT GATACTTGTA	300
30	AAATAGAACC TATTATGAGT ATGATTTAAG AAAACGCTTG CAAACTAAT AACCGCAACT	360
35	AGCGATATGG AGGAAACATG ATGTCTTATA GCATTGGAAT TGATTATGGA ACTGCTTCAG	420
40	GCCGTGTGTT TTTAATTAAT ACAACTAACG GTCAAGTAGT ATCAAAATTT GTGAAACCAT	480
45	ATACACATGG TGTCATTGAG AGTGAATTAA ATGGTTTGAA AATACCACAT ACATATGCAC	540
50	TTCAAAATAG TAATGATTAT tTAGAAATTA TGGAAGAAGG AATATCATAT ATAGTACGTG	600
55	AATCAAAAAT AGATCCAGAC AATATAGTAG GTATTGGTAT AGACTTTACT TCATCTACTA	660
60	TTATTTTTAC TGACGAAAAC CTTAACCCGG TACATAACTT AAAACAATTT AAAACAATC	720
65	CACATGCGTA TGTGAAACTT TGGAAACATC ATGGTGCATA TAAAGAGGCA GAGAAATTAT	780
70	ATCAAACTGC TATTGAAAAT AATAATAAGT GGTTAGGCCA TTATGGATAT AATGTTAGTA	840
75	GTGAATGGAT GATTCCCAAA ATAATGGAGG TCATGAATCG AGCACCAGAA ATTATGGAAA	900
80	AAACGGCTTA TATTATGGAA GCGGGCGATT GGATTGTAAA TAAATTAAGT AATAAAAATG	960
85	TACGCTCGAA TTGTGGATTA GGTTCCAAAG CATTTTGGGA AGAAGAAACA GGGTTTCATT	1020
90	ATGATTTATT TGATAAAATA GACCCCAAAT TATCAAAAGT AATTCAAGAT AAAGTATCTG	1080
95	CACCGGTTGT TAATATTGGT GAAGCAGTAG GGAAACTGGA TGATAAAATG GCACAGAAAT	1140
100	TAGGATTATC AAAAGAAACT ATGGTAAGTC CTTTTATTAT TGATGCCCAT GCTAGTTTAT	1200
105	TAGGTATTGG GTCTGAAAAA GATAAAGAAA TGACTATGGT GATGGGAACA AGCACATGCC	1260
110	ATCTTATGTT AAATGAAAAG CAACATCAAG TGCCAGGTAT ATCAGGTTCT GTAAAAGGAG	1320
115	CAATTATTCC AGAATTATTT GCTTATGAAG CGGGGCAATC AGCAGTAGGT GATTTGTTTG	1380

CTGTATTTGA ATTAATGAAT GAAAAGATAA AACATCAAAT GCCAGGTGAA AGTGGGCTCA 1500  
 TTGCTCTTGA TTGGCATAAT GGAAATCGAA GTGTATTAAG TGATAGCAAT TTAACAGGTT 1560  
 5 GTATCTTTGG ATTAACITTA CAAACTAAGC ATGAGGATAT TTATAGAGCm TATTTaGaAG 1620  
 CTACaGCATT TGGTACTaAG ATGATTATGC mACAGTATCA AGATTGGCAT ATGGaAGTAG 1680  
 aAAAGGtATT TGCaTGTGGc gGTAtACcTA AAAAGAATGC TGTTATGATG GATATCTATG 1740  
 10 CGAATGTACT GAATAAAAAA CTAATTGTTA TGGATAGTGA GTATGCACCA GCAATAGGCC 1800  
 CAGCAATATT AGGTGCAGTC AGT 1823

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 372:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1600 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 372:

25 ACCATCATCT GCATCAGCGA ATTCCGATGc AaTTcATATG tCCTaATAAC AAAAGAATAG 60  
 GTTTTaAAAG ATATGCATAC CGTAATGaTA GATATAGTTT TAAACGTGAC TTCAAGCTAT 120  
 ATGaATGTGA TGA CTGTTCa TCATGTTCTT TGAGACATCA ATGCATGAAG CCAAATTCGA 180  
 30 AATCCAATAA GAAAATTATG AAGAATTATA ATTGGGAATA CTTTAAAGCC CAAATTAATC 240  
 AAAAGCTTTC TGAACCAGAA ACGAAAAAAT CTATAGTCAA AGAAAAATTG ATGTAGAGCC 300  
 TGTTTTTGA TTTATGAAGG CTATTTTGGG TtTCACTCGA ATGTCAGTTC GGGAATAAAT 360  
 35 AAAGTTAAAC GAGAGCTAGG TTTTGTATTA ATGGCACTTA ATATAAGGAA AATAgcaGCT 420  
 CAACGAGCTG TACATTATAA AATACATATC AAAAAAGCTG ATTTCTATCA AATAAATAAT 480  
 AGAAATCAGC TTTTTTACAT TGCCTAAGAA CTTTAAGGAA CTTAATGTCC CAAGCTCTTT 540  
 40 TTTGTTATAT CTAATTCGTA ATTTATGATT GTTTATTCGG TCCTTTGATG TTCACTAAAT 600  
 GTGACTTTAA ATCTTGTTCT AATTGTTGTA ATTCTTTTTC AGCTAATTGT CGTTCTTCGC 660  
 GACCGTGTTG TTGAATAATT AATGTTTCTT CAATTGTCTC AATAATGTTA CGCTGTGTAC 720  
 45 GTTTCaATGT ATCAAGATCA ACAATGCCAC GCTCATTTTC TGTTGCAGTT TCAATCGCAT 780  
 TTGTTTCAA CAITTCAGCA TTTGCTGTTA ATAAATCATT AGTTGTATCA GTGACAGCTC 840  
 50 GTTGTGCAGC AACTGCATTA CGCTGTCTCA TTAATGTAAG CGCAATGGCC ATTTGATTTT 900  
 TCCATAGTGG AATACTTGTC AAAATTGAAC TTTGTATCTT CTCGGCAAGT GCTTGATTAA 960

AGTCATATAT GCGTTTATCT AGTCTATCTA TAAATTGCTG CATATCTGCA ACTTGTTGAA 1080  
 TATCCATTTG ATTAGTGGAT TgtGCGCTTG CTGTTGCAAT TGTGGTAGCT TTTCATTTTC 1140  
 5 TAATTGCAAC TTTTTTTGcT GTGCAGCAAT GATATGCAAT GATAAGTCAT CAAAGTATTG 1200  
 TTTGTTTTTA TCATATAGCG TATCTAATAA TTCAATATCT CTTGTTAAAT GTGTTTGATG 1260  
 TTTCTGCAGT TGAATCGTTA TGCGATCGAC TTGAGCACTA ACTGATTGCA TTCTTGAAAA 1320  
 10 GATTCATTG ATAGACGACT TTGCTCTGCT AAAAATTCTT TTTAACATAG ATGGTTTATC 1380  
 AGTATTTAAC TCATTGGAT TAACTGACTT TAGTTTTGAC ATTAGATCTG ACAAAGTATC 1440  
 TCCAATAGGA CCAACATCTT TACTTTGTAC TTCATCCAAC ATTTGATGTG AAAATTGAGA 1500  
 15 CATTTGTTTC TGkAAATCAG AACCAAACGC TAATAAACCT TCATTGTCTA AAGGGTTAAT 1560  
 TTGTTTACTG ATTGTGTCTA CCTGTTTTTG TTGTTCAATT 1600

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 373:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1227 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 373:

30 ATGTTGATAA TGGTAGCTTC TACAAGAATA AAGACCAACA AGTTGGTGCA ACAATTCTTG 60  
 aTAGTAAAC TGGTGGTTTA GTTGCTATAT CTGGTGGACG TGATTTCAAA GACGTCGTTA 120  
 ACAGAAACCA AGCAACAGAT CCTCACCCTA CTGGTTCATC TTAAACCT TTCTTAGCGT 180  
 35 ATGGACCTGC CATTGAAAT ATGAAATGGG CAACAAACCA TGCGATTCAA GATGAATCTT 240  
 CATATCAAGT TGATGGTTCT ACATTTAGAA ACTATGATAC GAAGAGTCAC GGTACTGTAT 300  
 CTATTTATGA TGCTTTACGA CAAAGTTTCA ATATCCCAGC TTAAAGCT TGGCAATCAG 360  
 40 TTAAGCAAAA TGCTGGTAAT GATGCACCTA AGAAATTCGC TGCCAAACTT GGCTTAACT 420  
 ACGAAGGCGA TATTGGTCCA TCTGAAGTAC TTGGTGGTTC TGCTTCAGAA TTCTCACCAA 480  
 45 CACAATTAGC ATCAGCATTT GCTGCAATCG CTAACGGTGG TACTTATAAC AACGCGCATT 540  
 CAATTCAAAA AGTAGTTACT CGTGATGGTG AAACAATCGA ATACGATCAT ACTAGCCATA 600  
 AAGCGATGAG TGATTACACT GCATACATGT TAGCTGAGAT GCTAAAAGGT ACATTTAAAC 660  
 50 CATATGGTTC TGCATATGGC CATGGTGTAT CTGGAGTAAA TATGGGTGCT AAGACAGGTA 720  
 CTGGTACTTA CGGTGCTGAA ACTTATTCAC AATATAATT ACCTGATAAT GCAGCGAAAG 780



AAGTTAAACA ATATGGTGAA AACTCATTG TGGACATAG CCAACAAGAA TATCCACAGT 900  
 TCTTATATGA AAATGTGATG TCAAAAATTT CATCTAGAGA TGGCGAAGAC TTTAAACGTC 960  
 5 CTAGCTCAGT AAGTGGTAGT ATCCCATCAA TCAATGTTTC TGGTAGTCAA GATAACAACA 1020  
 CTACAAATCG TAGTACACAC GGTGGTAGTG ACACATCAGC AACAGCAGT GGTACTGCAC 1080  
 AATCAAATAA CAATACTAGA TCTCAACAAT CTAGAAACAG CGGTGGATTA ACAGGTATAT 1140  
 10 TCAACTAATC CACTCAACAT AAAATCCTCA GTTATACCAT ATTTATGGTG TAGCCGAGGA 1200  
 TTTTnTTAGG TTCTTCATCT TTTATGG 1227

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 374:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1953 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 374:

25 CCATATGGtG CAACATTCTT CGTATTTAGT GATTATTTAA AACCAGCGTT ACGTTTATCA 60  
 TCAATTATGG GATTAAATgC aACGTTcATC TTCACACATG AyTCaATTGC AGTAGGTGAA 120  
 GATGGTCCTA CTCATGAACC AATTGAGCAA TTAGCTGGAT TAAGAGCCAT TCCAAATATG 180  
 30 AATGTTATCC GTCCTGCTGA TGGTAATGAA ACAAGAGTAG CATGGGAAGT TGCCTTAGAA 240  
 TCTGAATCTA CACCTACTTC ATTAGTATTG ACACGTCAAA ACTTACCGGT ATTAGATGTA 300  
 CCAGAAGATG TAGTTGAAGA AGGCGTTCGA AAAGGTGCCT ATACAGTTTA TGGCTCTGAA 360  
 35 GAGACACCAG AATTCCTATT ATTAGCTTCA GGTTcAGAAG TTAGTCTTGC AGTTGAAGCT 420  
 GCTAAAGATC TTGAAAAACA AGGTAAATCA GTACGTGTTG TTTCAATGCC TAACTGGAAT 480  
 GCATTTGAAC AACAATCTGA AGAATATAAA GAATCAGTTA TTCCATCAAG CGTAACAAAA 540  
 40 CGTGTGCGA TTGAAATGGC TTCACCGCTT GGATGGCATA AATATGTAGG TACTGCAGGT 600  
 AAAGTTATTG CTATTGACGG CTTTGGCGCA AGTGCACCTG GCGATTTAGT AGTTGAAAAA 660  
 45 TATGGATTTA CAAAAGAAAA TATCTTAAAC CAAGTTATGA GCTTATAAGA ATAATTTATA 720  
 AAGCGAGTAT GTTTAGAAGT CTAGGATGCA TAATCTTAGG CTTCTTTTAA AGTGTGAAA 780  
 TTTAGAGTAT AGCACTTAAA CTACATCATA AGTGATAAGT TATGAAAGTA TACTATTTCA 840  
 50 GATTAATCTT TAAAAGCTCT GTTATAACAG CATGATTTTT GATATTATTT TTAGTATCGA 900  
 TATTAAATA CTTGAATAAA CTAGTTCTTG AAATAATGTG ATGAATTTAG TAAAATTCAG 960

TGCATTAATT TTAGGTTTAA TTGGAGGTTT CCTTTTAGCT AGAAAATATA TGATGGACTA 1080  
 CTTGAAGAAA AACCCACCAA TCAACGAAGA AATGCTTCGT ATGATGATGA TGCAAATGGG 1140  
 5 TCAAAAACCT TCTCAGAAGA AAATTAATCA AATGATGACG ATGATGAATA AAAATATGGA 1200  
 TCAAAATATG AAGAGTGCGA AAAAGTAAAT TCGCAATTGA TAGAGGCTAT TTTCCAGATA 1260  
 TGGAAATGGC CTCTTTTAT AATCAAATTA ATAAGAATAA ATATGTTTAT TAAAATTAAA 1320  
 10 GTTAACAAAA TGACGAATAG ACTGAGAAAT GCTATAATTC ATTTTGTATG ATTTACAGAG 1380  
 AGTTTATTTA ACGAGAAGGT GTCyGCGTGC TCTATTTAAT ATTTTCAATC ATTGTAGCTT 1440  
 TATTTATGGG AACTATAGTT ATAGTTATTC GTATGAAAGC TCAAAATTAT CCGGTAAAKG 1500  
 15 AGAAAAAAT AGTTTTGCCa CCgTTTTTTA tGGCgACCGG TGCATTGATG TACGTCGTTC 1560  
 CaTATTTTAG GCTAACAGGA TCGGAAATGC TAGAAGCCTT TATAATTGGT TTGCTTTTTT 1620  
 CtACAGTTCT AATTTGGACT TCTCGATTTG AAGTCAAAGG TACAGAAATT TATATGAAAC 1680  
 GATCTAAAGC ATTTCCAGTT ATTTTGATTT CATTACTTAT CATTTCGTACT GTGATGAAAA 1740  
 TATTCATTAG TAATGAAATA GATCCTGGAG AATTAGGCGG CATGTTCTTT TTATTAGCAT 1800  
 25 TCTGTATGAT TGTTCCTTGG AGAGCAGCAA TGCTATATAA ATACAAAAAA CTAAAGAAAA 1860  
 CATTAATCAA TTAATTACTT TTaAAACCAC TTGTGATCGA CTTCTAAATC AGTCAATGAG 1920  
 TGGGTTTAAT nTTACTTGGA AAAGGnGGAA AGG 1953

30 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 375:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 3787 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 35 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

40 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 375:

ACATTTGATC AAnTTATCGA CATTAAAGAT GAATTCAnTT GATCGTnTCA ATGATTATCC 60  
 TGTTGAAGTA GCACGTTTGC TTGATATAGT GGAmATaAAA GTACACGCAT TACATTCAGG 120  
 45 TATCcACGTT GATTAAAGAT AAAGGGAAAA TAATTGATAT TCATTTATCT GTAAAAGCCA 180  
 CTGAAAATAT TGATGGCGAA GTGCTGTTCA AAGCAACACA ACCTTTAGGT AGAACAATGA 240  
 AGGTTGGTGT TCAAAATAAT GCAATGzCAA TTACTTTAAC GAAACAAAAT CAATGGCTTG 300  
 50 ATAGTTTGAA GTTTTTAGTT AAGTGCATTG AAGAAAGTAT GAGAATCAGT GATGAAGCAT 360  
 AAAGAAGCAT TTAATGGCGT TGTCGTGTTA ACTGCTGCAT TAATTGTCAT TAAAATTCTG 420

55

	CAACAAGTGT ATCCAATTGT AGCATTAGGA ATGATATTAT CGATGAATGC CATTCTAGT	540
	GCAATTACAC AAAATATAGG GAAGTATCAT AGTGACGAAG CATATGCAA AGCAGTCGCT	600
5	TATATACAAT TAGTTGGTAT ATTATTATTT ATTGCTATTT TTGTGTTTGC GAACAATATT	660
	GCACATATGA TGGGTGATGG CCATTTAACA CCAATGATTC AAGCTGCAAG TTTAAGCTTT	720
	ATATTTATAG GTATGCTTGG CGTGTTAAGA GGTATTATC AATCTGCAA TAATATGACA	780
10	GTTCCGGCTA TTTCCAGGT TATAGAACAA GTTATACGAG TAGGTATTAT CATTGTTACT	840
	ATTGTTATTT TTGTAGACAG AGGTTGGACG ATATATGAAG CGGGAACAAT TGCTATTTTA	900
	GCAACAACGA TAGGTTTTTT AGGTTCTTCA ATTTATTTAG TAGCGCACCG ACCTTTTAAG	960
15	TTTAAAATGG TAAATAACAC TGCAAAGATC GTTTGGAAAC AGTTCGCACT TTCGGTTTTG	1020
	ATTTTCGCTA TCAGTCAATT AATCGTAATT TTATGGCAAG TGATTGATAG TGTTACTATT	1080
20	ATTAAGTCAC TTCAAGCGAT ACGCGTGCCA TTCGATGTTG CCATAACTGA AAAAGGAGTC	1140
	TATGACCGTG GTGCATCATT TATTCAGATG GGATTGATTG TAACTACAAC ATTTAGTTTT	1200
	GCGCTCATT CTCTGTAAAG TGACGCAATC AAAATGAATA ATCAGGTACT TATGAATCGT	1260
25	TATGCAAATG CGTCATTAAA GATTACGATT TTAATAAGTA CAGCAGCGGG AATAGGATTA	1320
	ATTAATTTAT TGCCTTTAAT GAACGGTGTG TTTTTTAAGA CGAATGATTT AACCTTAACG	1380
	TTAAGTGTTT ATATGATTAC GGTCATTTGT GTATCGTTAA TTATGATGGA TATGGCATT	1440
30	TTACAAGCGC AACATGCTGT GAGACCTATT TTTGTTGGTA TGACGGCAGG ATTGGTTATT	1500
	AAATTTATAC TTAATATCAT TTTGATTCGT TTAAGTGGCA TTATTGGTGC GAGCATTAGT	1560
	ACTGTTGTAT CATTAAATTAT ATTCGGTACG ATTATCCATA TTGCTGTCAC GAGAAAATAC	1620
35	CACTTATATG CGATGAGACG ATTTTTTATC AATGTTGTTT TAGGTATGGT ATTTATGTCG	1680
	ATTGTTGTTT AATGCGTGTT AAACATAGTG ACAACACACG GTAGAATCAC TGGACTCATT	1740
	GAATTATTAT GTGCAGCAGT ATTAGGTATC ATTGCATTGT TTTTCTATAT TTTTAGATTT	1800
40	AATGTTTTGA CATATAAAGA GTTAACTTAT TTACCATTG GTTCAAAGTT GTATCAAATT	1860
	AAGAAAGGAA GACGTTGATG GCACATACCA TTACGATTGT TGGCTTAGGA AACTATGGCA	1920
45	TTGATGATTT GCCGCTAGGG ATATATAAAT TTTTAAAGAC ACAAGATAAA GTTTATGCAA	1980
	GAACGTTAGA TCATCCAGTT ATAGAATCAT TGCAAGATGA ATTAACATTT CAGAGTTTTG	2040
	ACCATGTTTA TGAAGCACAT AACCAATTTG AAGATGTCTA TATTGATATT GTGGCGCAAT	2100
50	TGGTTGAAGC TGCTAATGAA AAAGATATTG TCTATGCGGT TCCGGGTCAT CCTAGAGTTG	2160
	CTGAGACAAC TACAGTGAAA TTAAGGCTT TAGCAAAGGA CAATACTGAT ATAGATGTGA	2220

55

	ATGATGGCTT CACACTGTTA GATGCGACAT CATTACAAGA AGTAACACTT AATGTTAGAA	2340
	CGCATACATT GATTACGCAA GTTTATAGTG CAATGGTTGC TGCTAATTTG AAAATCACTT	2400
5	TAATGGAACG ATATCCTGAT GATTACCCTG TTCAAATTGT CACTGGTGCA CGAAGCGATG	2460
	GTGCGGATAA CGTTGTGACA TGCCCATTAT ATGAATTGGA TCATGATGAA AATGCATTCA	2520
	ATAATTTGAC GAGTGTATTC GTACCAAAAA TCATAACATC GACATATTTG TATCATGACT	2580
10	TTGATTTTGC AACGGAAGTG ATTGATACTT TAGTTGATGA AGATAAAGGT TGTCCATGGG	2640
	ATAAAGTGCA AACGCaTGmA AcgCTAAAGC GTTATTTACT TGAAGAAACA TTTGAATTGT	2700
	TCGAAGCTAT TGACAATGAA GATGATTGGC ATATGATTGA AGAACTAGGA GATATTTTAT	2760
15	TACAAGTGTT ATTGCATACT AGTATTGGTA AAAAAGAAGG GTATATCGAC ATTAAAGAAG	2820
	TGATTACAAG TCTTAATGCT AAAATGATTC GTAGACACCC ACACATATTT GGTGATGCCA	2880
20	ATGCTGAAAC TATCGATGAC TTAAAAGAAA TTTGGTCTAA GGCGAAAGAT GCTGAAGGTA	2940
	AACAGCCAAG AGTTAAATTT GAAAAAGTAT TTGCAGAGCA TTTTTTAAAT TTATATGAGA	3000
	AGACGAAGGA TAAGTCATTT GATGAGGCCG CGTTAAAGCA GTGGCTAGAA AAAGGGGAGA	3060
25	GTAATACATG AGATTAGATA AATATTTAAA AGTATCACGG TTAATAAAGC GACGTACGCT	3120
	AGCAAAAGAA GTAAGTGATC AAGGTAGAAT TACAATAAAT GGTAATGTTG CTAAAGCTGG	3180
	ATCGGATGTT AAAGTTGAAG ATGTGCTGAC GATTCGCTTT GGTCAAAAAT TAGTAACAGT	3240
30	TAAAGTAACT GCATTAAATG AACATGCATC TAAAGATAAC GCGAAGGGTA TGTATGAAAT	3300
	CATTGAAGAG CGTCGACTTG AAGAAGCGTA AATTGGAGGT GACAAGCAAT GAAAAATAAA	3360
	GTAGAACATA TAGAAAATCA GTACACGTCG CAAGAGAACA AGAAAAACA ACGTCAAAAA	3420
35	ATGAAAATGC GTGTTGTTc TAGGCGTATT ACAGTATTTG cGGGCGTATT aCTTGCGATA	3480
	ATTGTTGTTT TATCaATCTT GCTTGTTGTC CAAAACATC GCAATGATAT TGATGCACAG	3540
	GAGCGAAAAG CGAAAGAAGC ACAGTTTCAA AAGCAACAAA ATGAAGAAAT TGC GTTAAAA	3600
40	GAAAAGTTGA ATAATCTGAA TGACAAAGAT TACATTGAAA AAATTGCGCG TGATGATTAT	3660
	TACTTAAGCA ACAAAGGTGA AGTGATTTTT AGGTTGCCAG AAGACAAAGA TTCGTCTAGC	3720
45	TCAAAATCTT CGAAAAAATA AATCCAAATT GATTCAAAAT TATCCGAGTA TAGACATTGT	3780
	GAAAAAA	3787

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 376:

- 50 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1644 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double

55

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 376:

5	TAAACCATTT CAAACTGAGG AACGCnAAGA CGGsACgTTT CCAGATTTAG AAGTATTTAA	60
	AAATGAATGT GATTTAAGCT ATGACATAAC GTCACCTTAT ACTTTTAAGC AACCTGTATC	120
	ACCACACCTT GCATTTAAAA TGACAGATCA AATTTTTCTA AATAAGCAGC GTGTATTAGA	180
10	TAAGGTAAAA GTTTTAGATA AGGAATTTGA TTTTATCTTA ATTGAGGGTG CTGGGGGAAT	240
	TGCCGTACCA ATATATGAAG GTACAGATGA TTTCTACATG ACTAAAGATC TAATCAATGA	300
	TTGTGCAGAT TGTGTCATCA GTGTGTTGCC ATCAAAATTA GGTGCTATTA GCGATGCCAT	360
15	TGTTACCAAA GATTATGTTA ATCAGAATGT ATCGGCGAGT AATTTTTTAA TAATGAATCG	420
	CTATACAGAC AGCTATATTG AAAAAGACAA TCAAATGACG ATTGGAAAAT TAACAAATAA	480
20	AACAGTCTAT ACATTTGAAG AACATGCCAC GTATGAAAAT TTCTCAGAAG CATTTTTTAA	540
	ACAATTAATA GGAGTTAAAA ATGAATTACA CACAACAAC TAAACAAAAA GACTCAGAAT	600
	ATGTTTGGCA TCCATTTACA CAAATGGGTG TATATAGCAA AGAAGAAGCA ATCATCATTG	660
25	AAAAAGGAAA GGGTAGTTAC CTTTACGATA CGAATGGCaA TAAATATTTA GATGGTTATG	720
	CATCGTTGTG GGTCAATGTG CATGGTCATA ATAACAAATA CTTnAATAAG GTAATTAAAA	780
	AGCAACTCAA TAAATTGCC CATTCTACGC TGCTAGGATC ATCAAATATT CCGTCAATAG	840
30	AACTTGCGGA AAAATTAATC GAAATCACGC CAAGTAATCT AAGAAAAGTA TTTTATTCTG	900
	ATACAGGCAG TCGTCTGTT GAAATCGCAA TAAAGATGGC ATATCAGTAT TGGAAAAATA	960
	TTGATAGAGA AAAATATGCC AAGAAAAACA AGTTTATAAC GCTAAATCAC GGTTATCATG	1020
35	GGGATACGAT TGGTGCGGTA AGTGTGGTG GTATCAAGAC CTTTCATAAA ATATTTAAAG	1080
	ACTTAATATT TGAGAATATT CAAGTAGAAA GCCCATCTTT CTATCGCAGT AATTACGATA	1140
	CTGAAAATGA AATGATGACA GCTATTTTAA CGAATATAGA GCAAATTCTA ATTGAAAGAA	1200
40	ATGATGAAAT CGCAGGGTTT ATATTGGAAC CGTTGATTCA AGGTGCGACA GGCTTGTTTG	1260
	TTCATCCTAA AGGCTTTTTG AAAGAAGTCG AGAAATTGTG CAAAAAATAC GATGTCTTAT	1320
45	TAATTTGTGA TGAGGTAGCA GTTGGTTTTG GGAGAACTGG AAAGATGTTT GCATGCAATC	1380
	ATGAAGATGT TCAACCGGAT ATTATGTGTT TAGGTAAGGC GATTACTGGT GGCTACTTAC	1440
	CACTTGCAAGC TACATTGACA TCTAAAAAAA TATACAATGC ATTTTTAAGT GATTTCGCATG	1500
50	GTGTGAATAC CTTTTTCCAT GGTCaTACAT ACaCCGGAAA TCAAATcGTT TGTaCGGTTG	1560
	cATTaGaAAA TATaAGaCTT TATGaAAAAC GTaAGTtnAT TGTgCACATa TTGaAACGaC	1620

55



## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 377:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 431 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 377:

ATGATTTTtA aAAATCATTa AGTTAAGGTt GATACACATC TTGTCATATG ATCAAATGGT 60  
 TTCGCCAAAA ATCAATAATC AGACAACAAA ATGTGCGAAC TCGATATTTT ACACGACTCT 120  
 CTTTACCAAT TCTGCCCCGA ATTACACTTA AAACGACTCA ACAGCTTAAC GTTGGCTTGC 180  
 CACGcmTTAC TTGACTGTAA AACTCTCACT CTTACCGAAC TTGGCCGTAA CCTGCCAACC 240  
 AAAGCGAGAA CAAAACATAA CATCAAACGA ATCGACCGAT TGTTAGGTAA TCGTCACCTC 300  
 CACAAAGAGC GACTCGCTGT ATACCGTTGG CATGCTAGCT TTATCTGTTC GGGCAATACG 360  
 aTGCCCATTTG TACTTGTTGA CTGGTCTGat ATCcgTGAGC AAAAACGGCT TATGGTnTTG 420  
 CGAGCTTCAG T 431

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 378:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2006 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 378:

TTTnTATAAC GTATTATAAA TCGTTAAAAA TTTTGGTTGT GTTTGCGTCA CGTAGACAAC 60  
 CTCCATAAAG TTACTTAATC ACTCTCATCA TACAATAATT TTTACTCAAa TTGGAAnAAT 120  
 TATAAAAATT AAATATAGAT AGGCTTTGAA AATTAGTTTT ATACAAGGTT AGTAGCTGTA 180  
 ACTGTAAAAT GTTCTTAATA TTGTCAAAAT GTAATGCTTG AAAGCGCTTT TAAAaAATAT 240  
 TATTATATAC ATGGTTAGAC AAATAGACAA ATCACTATAC AAATATTGGG AGGAATATTT 300  
 TATGAAATCA ACACCACACA TTAAACCAAT GAATGACGTC GAAATTGCAG AAACGGTTCT 360  
 ATTGCCAGGA GATCCGTAA GAGCTAAGTT CATTGCAGAA ACTTATTTGG ATGATGTGGA 420  
 ACAGTTCAAT ACAGTGCGAA ACATGTTTGG TTTTACCGGA ACATATAAAG GTAAAAAAGT 480  
 TTCTGTCATG GGTTCAGGTA TGkGTATGCC ATCTATTGGC ATTTACTCTT ATGAATTAAT 540

	CATTGATTTA TATGATGTGA TTaTTkCACA AGGTGCCTCT ACTGATTCAA ATTACGTTCA	660
	ACAATATCAA TTACCAGGTC ATTTTGCGCC AATTGCTTCT TATCAATTAT TAGAAAAAGC	720
5	AGTTGAAACA GCACGTGACA AAGGTGTACG TCATCATGTA GGTAATGTGT TATCAAGTGA	780
	TATTTTCTAT AACGCGGATA CAACAGCGAG TGAACGTTGG ATGCGTATGG GTATTTTAGG	840
	TGTAGAAATG GAATCaGCTG CaTTATACAT GaATGCAaTT TACGCTGGTG TCGAAGCATT	900
10	AGGTGTGTTT ACAGTGAGCG ATCATTTAAT TCATGAAACG TCAACAACAC CTGAGGAAAG	960
	GGAACGTGCA TTTaCAGATA TGATTGAAAT TGCACGTGCA TTGGTGTAGA TGATTATGAA	1020
	TGTTGAATAT TCTAAAATAA AGAAAGCAGT ACCTATTTTA TTATTCTTAT TTGTATTTCAG	1080
15	TTTGGTTATA GACAACTCAT TTAAATTGAT TTCTGTAGCC ATTGCTGATG ACTTAAACAT	1140
	ATCTGTAACG ACAGTAAGTT GGCAAGCGAC ATTAGCCGGT TTAGTAATTG GTATTGGCGC	1200
	TGTAGTATAC GCTTCATTAT CTGATGCCAT TAGTATACGC AACTATTTTA TTTATGGCGT	1260
20	GATATTAATC ATTATCGGAT CAATTATTGG TTACATTTTC CAACATCAAT TCCCATTACT	1320
	TTTAGTTGGA CGTATTATTC AAAGTCCGG TTTAGCTGCT GCAGAGACAT TATATGTGAT	1380
	ATATGTTGCA AAGTATCTTT CTAAAGAGGA CCAGAAGACT TACCTTGGCT TAAGTACGAG	1440
25	CAGTTATTCC TTGTCATTAG TTATCGGTAC ATTATCAGGT GGATTTATTT CTACGTATTT	1500
	AACTGGACA AATATGTTTT TAATTGCATT AATCGTAGTA TTTACGTTGC CATTCTATT	1560
	TAAATTATTA CCAAAGAAA ATAATACGAA TAAAGCTCAT TTAGATTTTG TTGGCTTAAT	1620
30	TCTAGTGGCA ACTATTGCTA CAACAGTCAT GCTGTTTATT ACGAACTTTA ATTGGTTATA	1680
	TATGATTGGT GCCTTAATTG CGATTATCGT TTTTGCGCTA TATATTAAAA ATGCGCAACG	1740
	TCCATTAGTA AATAAATCAT TTTTCCAAAA TAAACGTTAT GCTTCATTTT TATTTATAGT	1800
35	ATTGTAATG TATGCTATCC AATTGGGTGA TATTTTACG TTCCCATTCa TAATGGAGCA	1860
	AATTTATCAT CTGCAACTAG ACACAACATC ACTGTTATTA GTACCGGGgT TaTATAGTAG	1920
40	CAGTCATTGT TGGtGgCACT AAGTGGgTtA AAATCGGgCG rAATATCTGG AATTCCAAAA	1980
	CCAAGCGGAT TATCACAGCC AATTAA	2006

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 379:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 4858 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

	TGGGGAAAAA AAGACCCAGC AGTATTAGAA GAATCGTTAA ATATTTCTAT TGAAGAAATG	60
	AATCGTATCA TAAATTAGT CGAAGAATTA CTTGAATTGA CTAAAGGAGA TGTAATGAC	120
5	ATTTCTTCTG AAGCACAGAC CGTGCAATTT AATGATGAAA TTCGCTCGCG AATACACTCA	180
	TTAAAACAAT TGCATCCTGA TTATCAATTT GATACGGATC TGACATCTAA AAATCTAGAA	240
10	ATTAAAATGA AACCTCATCA ATTGGAACAA TTATTTTAA TCTTTATTGA TAATGCAATC	300
	AAATATGATG TGAAGAATAA GAAAATTAAA GTTAAGACAA GGTAAAAAA TAAGCAAAAA	360
	ATAATTGAAA TTACAGATCA TGGAAATTGGT ATTCCAGAGG AAGATCAAGA TTTCATTTTT	420
15	GATCGCTTTT ATCgAGTGGA TAAATCTCGT TCAAGAAGTC AAGGCGGTAA TGGACTCGGA	480
	TTATCTATTG CTCAAAAAAT CATTCAATTA AACGGAGGAT CGATTAAAAT TAAAAGTGAA	540
	ATTAACAAAG GAACAACGTT TAAAATCATA TTTAATCAT GACTGAGACG TCAATCAAAG	600
20	TCATAGGATC AATTTTTTAA GTACACATTA GCTGTGACTA ATGTATAAGA ACAACTATAA	660
	AACAAATAAA CAGTGGTTCT TTATCATTTT TGTGTACTC CCAAATTTA CAATAAATA	720
	CATCTATAAA CCTAGAAGAA TCAACGCTTT TGTGATTCT TCTTTTTAGC AGATAAATAG	780
25	GTAAATCTAC TTTAACAAAT AACTAAATAG TGATATTATT ACATTGTAAG CGTTTCAACA	840
	TTTTTGTGGA GGGTGTAATA TGAATAACGA AAGAAAAGAA GTTTCAGAGG CTCCTGTAAA	900
30	CTTCGGTGCG AATTTAGGTC TAATGTTAGA TCTATATGAT GACTTTTTAC AAGATCCATC	960
	ATCTGTACCA GAAGATTAC AAGTCTTATT CAGCACAATT AAGAATGATG ACTCAATTGT	1020
	ACCAGCTTTA AAAAGTACAA GTAGTCAAAA TAGCGACGGC ACAATTAAGC GTGTCATGCG	1080
35	TTTAATTGAT AATATTCGCC AATACGGGCA TCTTAAAGCC GATATTTATC CTGTAAATCC	1140
	TCCAAAAGG AACATGTAC CTAAATTAGA GATTGAAGAC TTTGATTTAG ATCAACAGAC	1200
	TTTGGAAGGT ATATCAGCAG GAATTGTTTC AGATCACTTT GCCGACATTT ATGATAATGC	1260
40	TTATGAAGCA ATTTTAAGAA TGGAAAACG TTACAAAGGA CCAATTGCAT TTGAGTATAC	1320
	ACATATTAAT AACAATACCG AACGTGGTTG GTTAAAAAGA AGAATTGAAA CGCCATATAA	1380
45	AGTAACGTTA AATAATAACG AAAAAAGGC ACTATTCAA CAATTAGCGT ATGTTGAAGG	1440
	GTTTGAAAAA TATCTTCATA AAAACTTCGT TGGTGCAAAG CGTTTTTCAA TTGAAGGGGT	1500
	AGACGCACTT GTACCGATGT TACAACGTAC TATTACGATT GCTGCGAAAG AAGGTATTAA	1560
50	AAATATACAA ATAGGCATGG CTCACCGTGG ACGTTTAAAC GTTTTAACGC ATGTCTTAGA	1620
	AAAACCGTAC GAAATGATGA TTTCAGAATT TATGCATACA GATCCAATGA AATTCTTACC	1680
55	TGAAGATGGT AGCTTGCAGT TAACTGCTGG ATGGACTGGT GATGTGAAAT ATCACCTTGG	1740

	AAGTCACTTG GAAATTGTTG CACCTGTTGT TGAGGGGCGT ACGAGAGCAG CACAAGATGA	1860
	TACACAACGA GCTGGGGCTC CGACGACTGA TCATCATAAA GCAATGCCAA TTATTATACA	1920
5	TGGCGATGCT GCTTATCCTG GTCAAGGAAT TAACTTCGAA ACAATGAACT TAGGAAACTT	1980
	GAAAGGCTAT TCTACGGGTG GTTCATTGCA TATTATTACT AACAATAGAA TTGGATTTAC	2040
	TACAGAACCA ATTGATGCAC GTTCAACAAC TTATTCTACA GATGTGGCCA AAGGTTATGA	2100
10	TGTGCCAATA TTCCATGTCA ATGCAGATGA CGTTGAAGCT ACTATTGAAG CAATTGATAT	2160
	TGCAATGGAA TTTAGAAAAG AGTTTCATAA AGACGTCGTT ATTGATTTAG TAGGTTATCG	2220
	TCGTTTCGGA CATAACGAAA TGGATGAACC ATCAATTACT AATCCaGTTT CTTATCAGAA	2280
15	TATTCGCAAA CATGACTCTG TTGAATATGT GTTTGGTAAA AAGCTTGTTA ATGAAGGTGT	2340
	CATTTTCAGAA GATGAAATGC ATTCATTTAT AGAACAAGTC CAAAAGGAAC TAAGACAAGC	2400
20	TCATGATAAA ATTAATAAAG CTGATAAAAT GGATAATCCA GATATGGAAA AGCCTGCAGA	2460
	TCTTGCAATTA CCGTTACAAG CAGACGAACA ATCATTTACT TTTGATCACT TGAAAGAAAT	2520
	AAATGATGCA TTGTTAACAT ATCCGGATGG CTTTAACATT TTGAAAAAGT TAAACAAAGT	2580
25	TCTTGAGAAG CGTCATGAGC CGTTTAATAA AGAAGATGGT TTAGTTGATT GGGCACAAGC	2640
	AGAACAACCTT GCATTTGCGA CAATTTTACA AGATGGTACA CCGATTCGCT TAACTGGTCA	2700
	AGATAGTGAA CGTGGTACAT TCAGTCATAG GCATGCCGTG TTACATGATG AGCAAACAGG	2760
30	TGAAACATAT ACACCTTTAC ATCATGTTCC TGATCAAAAA GCGACATTTG ATATACACAA	2820
	TTCTCCGCTT TCAGAAGCAG CAGTAGTTGG TTTTGAATAC GGCTATAATG TGGAAAACAA	2880
35	AAAAAGCTTC AATATTTGGG AAGCACAATA TGGTGATTTT GCAAATATGT CACAAATGAT	2940
	TTTTGACAAC TTCTTATTCA GTTCTCGCTC AAAATGGGGA GAACGTTTCAG GATTAAACATT	3000
	ATTCTTACCT CATGCATATG AGGGTCAAGG GCCTGAACAT TCATCAGCAA GATTAGAGCG	3060
40	ATTTTTACAA TTAGCTGCTG AAAATAATTG CACAGTTGTC AACTTATCTA GTTCAAGTAA	3120
	TTATTTCCAC TTATTGCGTG CACAAGCGGC TAGTTTAGAT TCTGAACAAA TGCGACCATT	3180
	GGTTGTTATG TCACCAAAAA GCTTACTGAG AAATAAAACA GTTGCAAAAC CAATTGATGA	3240
45	ATTTACTTCT GGTGGATTTG AGCCAATTTT GACAGAATCA TATCAAGCGG ATAAGGTTAC	3300
	AAAAGTTATT TTGGCAACTG GTAAAATGTT CATTGATTTA AAAGAAGCAT TAGCTAAAAA	3360
50	TCCAGACGAA TCAGTATTAC TCGTTGCGAT TGAAAGATTG TATCCATTCC CAGAGGAAGA	3420
	GATTGAAGCA TTACTAGCAC AATTGCCAAA CCTTGAAGAA GTGTCATGGG TACAAGAAGA	3480
	ACCTAAAAAT CAAGGTGCAT GGTTATATGT CTATCCATAT GTTAAAGTGC TAGTTGCAGA	3540

55

AGAAATTCAT AAACCTTGTTT AAAATAAAAT TATAGAAAAT GCATTAAAAA ATAAC TAGGG 3660  
 GGAAATAAGT CATGCCAGAG GTTAAAGTTC CAGAATTAGC AGAATCTATT ACAGAAGGTA 3720  
 5 CCATTGCAGA ATGGTTGAAA AACGTAGGGG ATAGCGTAGA AAAAGGTGAA GCTATTCTTG 3780  
 AATTAGAAAC TGATAAAGTT AATGTCGAAG TTGTATCTGA AGAAGCAGGT GTATTATCTG 3840  
 AACAACTTGC AAGTGAAGGC GACACTGTAG AAGTTGGACA TCAATTGCT ATCATCGGCG 3900  
 10 AAGGTAGTGG CAATGCTTCT AAAGAAAATA GTAACGACAA TACTCCACAA CAAAATGAAG 3960  
 AAACAAATAA TAAAAAAGAA GAAACAACAA ATAATTCGGT AGATAAAGCT GAAGTAAATC 4020  
 AAGCAAATGA TGACAATCAG CAACGTATTA ATGCTACGCC TTCTGCGCGT CGATATGCTC 4080  
 15 GTGAAAATGG TGTGAATCTT GCTGAAGTAA GTCCGAAAAC AAATGATGTG GTTCGTAAAG 4140  
 AAGATATTGA TAAGAAACAA CAGGCACCGG CATCAACACA AACAAACAA CAAGCATCTG 4200  
 20 CAAAAGAAGA GAAAAAATAC AATCAATATC CTACAAAACC AGTGATTCGT GAAAAAATGT 4260  
 CACGTAGAAA GAAACAGCT GCCAAAAAAT TATTAGAGGT ATCTAATAAT ACAGCTATGT 4320  
 TAACAACATT TAACGAATG ACATGACAAA TGTTATGGAA TTGCGTAAAC GTAAGAAAGA 4380  
 25 ACAATTTATG AAAGATCATG ATGGTACTAA ATTAGGATTT ATGTCATTCT TACTAAAGC 4440  
 TTCTGTAGCA GCTTTGAAAA AGTATCCAGA AGTTAATGCA GAAATCGACG GCGACGACAT 4500  
 GATTACGAAA CAATATTATG ATATTGGTGT AGCTGTTTCT ACAGATGATG GATTATTAGT 4560  
 30 ACCATTTGTA AGAGATTGTG ATAAAAAGAA TTTTGCAGAA ATCGAAGCAG AAATTGCTAA 4620  
 TTTAGCAGTT AAAGCAGAG AGAAAAAAT TGGCTTAGAT GATATGGTTA ATGGTTCATT 4680  
 TACGATTACA AATGGCGGTA TTTTGGATC AATGATGAGT ACGCCAATTA TCAATGGTAA 4740  
 35 TCAAGCTGCA ATCTTAGGCA TGCATTCAAT TATTACAAGA CCAATTGCGA TTGATCAAGA 4800  
 TACAATCGAA AATCGTCCAA TGATGTATAT TGCATTAAGC TATGATCATA GAATTATT 4858

40 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 380:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2222 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 45 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 380:

50 ATCAGTCACA CGGTAGGCAT ATAAATGAG TCGTTTCTAC AACATTTTAA AACAGTTCAT 60  
 TCAATATTAT TTTTATCTAA TAATATATT GGGAGGATTA TACCTTTATA CACACCATGC 120

55



	ATGCTATTTA	GCTAAAGCTA	AAAGACCAGA	CACTATGCAT	ATTTCAACTG	GAAATATGTG	240
	GCGATACTTA	GTTGCAATTA	TTGCCTGTAT	GATTTGGTAC	CTTAATAAAG	CGCATGTAAG	300
5	TATCATCGGT	ATAATTATTG	GTTTAATGAT	TTCATATGTT	GTAGTTATCA	TACGTCCTTT	360
	ACTAAAGGTG	AGCAAATAAA	TTAAGAAAGA	GGTGAGATTA	TGGATCACAA	ATCCCCGCTC	420
	GTGAGTTGGA	ATTTATTCCG	TTTTGaTATC	GTTTTCAATT	TATCAAGTAT	ATTGATGATA	480
10	CTTGTTACGG	cGTTTCTTGT	TTTTCTACTT	GcTATCATTT	GTACGCGTAA	TTTGAAAAAA	540
	AGACCAACTG	GCAAACAAAA	TTTCGTTGAA	TGGATTTTTG	ATTTCTGTGAG	GGGAATCATT	600
	GAAGGTAACA	TGGCTTGGA	AAAAGGTGGT	CAATTCCACT	TCTTAGCAGT	AACGCTGaTT	660
15	CTGTACATTT	TTATAGCTAA	TATGTTAGGT	CTTCCGTTTT	CTATAGTAAC	GAAAGATCAC	720
	ACATTGTGGT	GGAAATCACC	GACAGCnGAT	GCAACAGTGA	CTTTAACGTT	GTCTACAACG	780
20	ATAATACTGT	TAACTCACCT	TTATGGAATT	AAAATGCGTG	GTACGAAACA	ATATCTTAAA	840
	GGTTATGTAC	AGCCGTTTTG	GCCATTGGCA	ATTATTAATG	TTTTTGAAGA	GTTCACTTCA	900
	ACATTAACGC	TTGGTCTGCG	TTTGTACGGT	AACATATTTG	CAGGTGAGAT	ACTATTAACA	960
25	TTACTTGCTG	GCTTATTCTT	TAACGAACCA	GCATGGGGTT	GGATTATTAG	TATCCCAGGA	1020
	TTAATTGTTT	GGCAAGCATT	TTCAATATTT	GTAGGAACAA	TCCAAGCATA	TATCTTTATT	1080
	ATGCTTTTCGA	TGGTTTATAT	GTCACATAAA	GTGGCAGATG	AACACTAAAA	ATTTCAATAA	1140
30	TTATATACAA	TCACAGGAGG	AAATTAAATT	ATGAATTTAA	TCGCAGCAGC	AATCGCAATT	1200
	GGTTTATCAG	CATTAGGAGC	AGGTATCGGT	AACGGTTTAA	TCGTTTCAAG	AACAGTTGAA	1260
	GGTGTAGCAC	GTCAACCAGA	AGCACGTGGT	CAATTAATGG	GTATCATGTT	CATTGGTGTA	1320
35	GGTTTAGTTG	AGGCATTACC	TATCATCGGT	GTAGTAATTG	CATTCATGAC	ATTGCTGGA	1380
	TAATTAACAG	ATAAAAGAGG	TCGGGACAAA	GCGCATAGGA	CATAATTCAT	GATGCATATA	1440
40	TAGTAATATC	TTTGAACTTT	ATTAAATAGT	TGAGATATGA	ACGCACCATG	CCTATCGCAT	1500
	AAATTCAGTA	GGTCCTAACC	TCGTCGTTTT	TTTCTATATA	AACTAGCGA	TTATTTTAAT	1560
	GAAAGGAGTG	TCATGAACCC	GTGACTGAAA	CAGCTAACTT	ATTCGTTCTT	GGTGCAGCTG	1620
45	GAGGCGTTGA	GTGGGGTACT	GTGATTGTAC	AGGTCCTAAC	TTTCATCGTG	TTAcTTGCGT	1680
	TACTTAAAAA	GTTGCGCATGG	GGTCCATTGA	AAGATGTAAT	GGATAAACGT	GAAAGAGATA	1740
	TTAACAGAGA	TATCGATGAC	GCAGAACAAG	CTAAGTTAAA	TGCACAGAAA	CTTGAAGAAG	1800
50	AAAATAAACA	AAAACCTTAA	GAAACACAAG	AAGAAGTTCA	AAAGATTTTA	GAAGATGCTA	1860
	AGGTTCAAGC	ACGTCAACAG	CAAGAACAAA	TTATTCaTGA	AGCAAACGTA	CGTGCAAACG	1920

55

TTAATAATCa AGTATCTGAA CTATCAGTGT TAATTGCTTC TAAAGTTCTT AGAAAAGAAA 2040  
 TTTCTGAACA AGACCAAAAA GCATTGGTTG ACAAGTATCT AAAAGAGGCA GCGGATAAAT 2100  
 5 AATGGTAAAA GTAGCTAACA AGTATgCTAA AGCATTATTT GACGTGTCAT TAGATACAAA 2160  
 TAATTTAGAG ACTATTAATG AAGAATTAAC AGTTATAAAT GAAGCAGTAA AAGATAAAAT 2220  
 TG 2222

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 381:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1143 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 15 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 381:

TAACAATTCC TaTATTCATG TTTAATACGA AACACTACAT TTACATTGTA ATTCACTATC 60  
 TTTTGAAGTA ATAAAGTGAT TTGTTCAATC GATAGCTCAT TGCTTGTGTC GATTGTAACA 120  
 25 ATTATATGCA AGTTTTTCAGG ATTAACACCT AATCTTTGAA TGATTTGTTT AATAGTATAA 180  
 TAATCCATCC AATAAAAATT ACTTCCTTTA ATATAAATGT TTTTAGGTTG ATACATTTGA 240  
 CTCCTTTTTG TAGGCTCAAA AGGTATATCA ATCTCGCGCA TACTTGAAGA ACTTTGATTA 300  
 30 GTATCATCAA ATAATTCAAT TATATTTTTA TCAATTTCAA CTAATTGGGA ATGGTTAATT 360  
 GAATGAGATG TTGGACTATA TCTTTTTCTA ATTAATTTAG GAGTGTTACC ATACGTTTCT 420  
 TTAAAGAGGT GTATAAACG AGAATAATGA TTAAACCAT GACTACTTGC GATTTCTTCA 480  
 35 ATAGGCTTCT TAGrAGTTAA AATATCAATT AAGCAATGCT CCAGTCTAAT ATGATTTAAA 540  
 TATTGAATAA AATTACTATA AGGTGTCGCT TTAAACATGT CACTTAAAGC TTTGTTTGTA 600  
 ATACTAACTT GATTAATGAC ATCTTTCCTA TTTATCTTTT TATGGTGGTT GTTTGTTAAA 660  
 40 TAATCGTGCA CTTCTTCGGC TACTAAATGA CGACTACCAT CGTATGTATT TAATGACATT 720  
 AATTCAACAC ACATGTAATT AATAATCTTA TCATTAGCAT TATAAGACTG TTGTTTAATT 780  
 45 TTGCTGTAGA TTAAATACTT AATCAAGATT CTAAAAGTGC TAGCAACCTC ATTTGTTAAT 840  
 ATCTTGCCAC GCATCATATA GTTTGCATTC ATAAACTTCA AAAATGTCTT TGCACTTACT 900  
 TCAACAACAC AACATACACT ATCATCATTA CCATCAATTT GATACAAATC ATTCAACATA 960  
 50 ATAATGGTGA CATCATTTCT TTTTACATCA TATTGTTGTA GATTGATTGA AACTACACCT 1020  
 GTACCTTGTA GCCAATATAT AATTTTtAAG TTCGCTTCCT TCACACTACT CATTTTCATA 1080

55

ATT

1143

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 382:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 506 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 382:

GGACCACCTT TTTTACCTGT ACGACTAAAG CCAACTGTTT TAAAGGCACC AACAGCATGC 60  
 CACACTTGAA TAATTTCTTG TGATGGTCTA AAGCGAACCG TATAAATTAA TGGATGGAAA 120  
 TCATCAACAA AAATATAATC GGCCTTACCA AGTAAATATG GCAATCTAAA CTTGTCTCTC 180  
 CATTTGCGTC TATCCGTAAT ATTCTCCTTA AATACCGTTT TAATATCATA ATCAAAATCT 240  
 ACTTTTGGC GTAGTAACTC ATCATATACA TACTTGAAAT TCCCTGATAA ATTCGGACGC 300  
 GAATCTGATG TGAATAATAT TGTTTTGCTT CTTTAAATAT GTAGTAACTT TGTAATATTA 360  
 AAAATAGCTT TAAATAAGAA ACTTCTACTT TCAAATGAAG CTTTATGACC TTGTTTATGA 420  
 AGCCAGTGTG cACTTgTCGC AATGaCCCCCT GaTTTCyCyT GagGtAAGGk GaTTTCmATA 480  
 TCAAATACAA ATTCGTTAAC GTCACT 506

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 383:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 421 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 383:

AGCATCTGCA AtGAGTcTCT AATACAACGA TACGTTTTGC ATCTTTAGGT ACTTTTACTG 60  
 TACCATTTTC ATCTTTTACC GAAATAGTAT CTTTAGTTGA TGATTCTTTT TTAATTGAAT 120  
 TATCCGTATT ACCACAAGCT GCAACTAAAA GTAAGGCAAC TATTAATCCC AATATACTAA 180  
 AAGTTTTTAG ACCTCTCATC GTTCCACTCC TTAATATGTA TAACTTCATT TATTATTTTA 240  
 TTGATAACAA TTATCATTGT CAAGTAGCGT TCAATCTTTT TTATATTTCT AAAATGTATG 300  
 ACTATATATT TCCTCTAATA ATTATGACTA CAATTAGCAC ATTCCTTAG ACAAATACT 360  
 GATAATGTAT CATTGCTATA TCATCTTTGC ATTAATACAA TTGACACCAT TTAGCATGAC 420

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 384:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 862 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 384:

TGCACTTGAT	ACTTTAGCAC	ATGAAATTGC	TAATCGATTA	GTTGCAAATG	ACAAGAATGA	60
AGCAACTTTG	GAAATGACTA	ATAAAATGGC	AACGATTCGT	TTTACAGAAC	CTACGCTGAT	120
TGCATTAGCA	GGGGGTAATG	TCAAAGCTTA	CACTGAGCAT	ATGACTATAT	CTCCATATAA	180
ATTGTATTTG	TTAGATAAAG	GCGATGTTTT	AAAGTTTAGA	GAAACAAGTT	ATACATCGCG	240
AGTGTATTTA	GCTGTGGAG	GCGGATTTGA	ATTAGATGCA	TGGTTAGGAT	CTAACTCAAC	300
CGACTTTAAT	GTAAAAATTG	GTGGTTTTTA	AGGTAGAACA	TTACAAGATG	GCGATGAAAT	360
AAAGCTTAAG	AGAGATTATA	CAGCTCGTCA	TCATAAGTTA	TTTGAAAACC	TTGCTCACAC	420
GAAACAAACA	GATTGGGGTA	TTGATGGATA	CGCCTTGTC	TTTAATTATA	TGTCTGATGT	480
ATTTTCATGTC	GTAAAAATA	AAGGTACGGA	AGATTTTAAA	GAAGATGCCA	TTCAAAGATT	540
TGTGAAACAT	GATTATAAAG	TAACGAGCAA	AGCAAATCGC	ATGGGGATGA	TGCTTGAAGG	600
TGAAAAAATC	AAAGCTTTTT	ATGAAGATAT	GCCACCGTAT	CAGACTGTCA	AAAAAGGAAC	660
GATACAAATT	AAGCGTGATG	GCACACCTAT	TATCCTATTA	AATGATCATT	ATACGCTAGG	720
TAGCTACCCG	CAAATCGGTA	CAATCGCAAG	TTATCATTTA	ACGAAATTAG	CACAAAAACC	780
GCAAGGATCA	CGTTTGAAAT	TTCAATTTAT	AGATATTTTA	ACGGCTGAAA	AGAACCTTGT	840
TAAgTATAGT	AACTGGTTAA	AC				862

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 385:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1027 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 385:

AAATGAGTTG	ATGATGGCTC	CTATTCCATC	TATCTCTAGG	TATGACAGAA	sATAAACGGT	60
CTTCTACCTG	TCTsACATTA	TCTTTCCAAC	GATTAATACC	TAAGCGTTTA	GAAACACGTT	120

CAGTTTTACG TCCTACACCT GCTAAACTTT CTAATTCCTT ATGTGTTTGT GGTATTTCTC 240  
 CATTAAATTG ATCAATCAAA GATTGACAAA GTTCTTAAT ATTCTTAGCT TTGTTACGAT 300  
 5 ACAGACCGAT AGAACGAATA TCATTCATAA GTTCTTCATC ACTGACTGCC AAATAATCTT 360  
 CAGGCGTTTT GTATTTTTTA AACAGCTCAG TTGTTACTCT ATTTACTAGA ACGTCTGTAC 420  
 ATTGCGCTGA CAATAATACA GCAATAGTTA ATTCGAACGG ATTATCATGT TTTAATTCAC 480  
 10 ATTCTGCATC CGGAAACATA TTTGCTATAA CATCAATCAT TTCTAATGCT TTTTCTTAC 540  
 TTACCATCAA GGTCTCCCC GTTAAACCA TCAAATTTAG GTACCGTTTT AACTGTGTGC 600  
 GTCATTTTCG GTTTATTGAA TTTTCTCTT ATTTTCTAG AATCGTCAAT TGTTTTGACA 660  
 15 TTGTTTTTCT TCCAATTAAG TAAATACGA TCTATATATT TAAAGCTAAG TTTATTCAAA 720  
 CTATTCGCCT CGTCTAATGC CGCTTGATA ATTGCAGTAT CGTGTTTATC AACATCAATC 780  
 20 CATTGATTTA ACGTTTCTAT TTCATATGGA GATAACGGCC TTGCAAATGT ATCCTCTAAA 840  
 ACTCTAAATA ATTGTTTAAA TTTTCTTTA CTATTTAGCT CTTTCGTTTC CATACTTTGT 900  
 TGCTTCAATA TATGACTTAA TTTTTCGAAA AAAGGATCTA GATTCATATA TTCGGkAAAT 960  
 25 CTACCTTCyT CATCyTTTTG aACTkGtAAT tCTAGCAATT CACGTgTATC AAATTTTGGA 1020  
 TACCATT 1027

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 386:

- 30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1006 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 35 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 386:

40 AAGGnTTGGA GGGAATTAAT nGATGGCAAA TCCCAGaTAA AGTACACaAC GCATGGAATG 60  
 TGATGCATTT AATATTTCCA GTAGTTAGTA CGACGTTTGC AAGCTTTAAA TCTATGTATG 120  
 GGGGCATACC AAAAGATTTT ATAGACTACT TATTTATTGA TGAAGCAGGA CAAGCAATAC 180  
 45 CTCAAGCAGC TGTGGGAGCA TTATATCGTT CAAAAAAGT TGTAGCTGTA GGTGATCCGA 240  
 TTCAAATAGA ACCGGTTGTG ACTTTAGAAA GTCATTTAAT TGATAACATT CGTAAAAATT 300  
 ATCATGTTCC GGAATATCTA GTTCTAAAG AAGCTTCTGT GCAGTCTGTT GCAGACAACG 360  
 50 CCAATCAATA TGGTTTTTGG AAATCTGATG CTACTGATAG TAATCAAAAA ACCTGGATAG 420  
 GCATACCTTT ATGGGTGCAC AGACGATGTT TAAAACCTAT GTTCACGATa GCTAaCCAAa 480

55



GGTATGACGT TAAAGGAAaC GCAGTTCAAA AACAATTGT GAAAGAGCAT GGTGAAAAaG 600  
 TAGTGGGATT ATTAGCTGAT GATTGGATTG AAGCAATTAA GGAAGGTAAA AATGAACCGA 660  
 5 GCTCATTGT AATATCGCCT TTTTCAGCAG TACAGCAACA GATTAAACGT ATGTTAAAGC 720  
 AACAACTACC GACTAGAATT GATATTGAAC GTACAAAAAT TAATCAATGG GTCGATAAAT 780  
 CCATTGGTAC TGTTCACTACT TTTCAAGGTA AAGAGGCTCA GAAGGTGTAT TTTGTAATAG 840  
 10 GTACTGATAA TACCCAAGAT GGTGCTGTGA ACTGGTCATG CGAAAAACCA AACTTGTTAA 900  
 ACGTTGCAGT GACAAGAGCT AAGAAAGAGT TTaTGTAATT GGCGACATGC AAAGAATACA 960  
 15 GATGAaACCA TTTTATGAGA CGATTTTTAn AGnAAGAAAT GTAAAA 1006

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 387:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 662 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 387:

CGTTTCATCA AGTnATCGAT CCTAATTTAC AAAATATTCC GGTTAGACTT GAAGAAGGGC 60  
 GTAAAATAAG AAAAGCCTTT AAACCAACTT CAAAAGATAG CGTTATATTA TCAGCAGATT 120  
 30 ATTCTCAAAT TGAATTGCGT GTATTAGCAC ACATTACACA AGATGAGAGT ATGAAAGAAG 180  
 CATTATCAA CGGCGATGAT ATTCATACAG CAACTGCTAT GAAAGTATTT GGTGTAGAAG 240  
 CTGATCAAGT CGATAGTTTA ATGCGTCGTC AAGCAAAAGC AGTTAACTTT GGAATTGTTT 300  
 35 ATGGGATAAG TGATTATGGT TTAAGTCAAA GTTTAGGTAT TACTCGTAAA AAAGCAAAAG 360  
 CATTCAATGA TGATTATTTA GCTAGTTTCC CAGGTGTAAA ACAATATATG TCTGATATTG 420  
 40 TAAAGATGC CAAAGCTTTA GGTTACGTGG AAACATTGCT ACATCGTCGA CGCTATATTC 480  
 CTGATATTAC GAGTCGTAAC TTTAATTTAC GCGGCTTTGC TGAACGTACT GCTATGAATA 540  
 CGCCAATACA GGGCAGTGCT GCAGATATCA TTAACTGGC AATGGTTAAA TTTGCTCAA 600  
 45 AAATGAAAGA GACAACATAT CAAGCTAAAC TATTATTACA AGTACACGAT GAATTAATTT 660  
 TT 662

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 388:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 669 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 388:

5 TCATCCAAAT TTTGGAAATT CCACATTTTA CATATCGTAA TTTTTTAGGA AACTAGTGAA 60  
 TATAACAAAT CCCTCCTCTC ATTTTAAAA TAGATATATC ACTTCCCCAC TTTTACTTAA 120  
 CTAAACTGCA ACGGTTCTTA ATACCAAAAT CCTGCCCTCT ATTTTATCA ATTCAAGCAT 180  
 10 ACTTATTGAA AAATGTTAAC GTTTTCTTGA TAATCATTGT AAGCGCATT TTTTATAAA 240  
 CTAACGTTTG AAATATACTA CAGGAGTGAC ACGTAATGAC TCAAATTACT GAAAAAGAAT 300  
 TAAAAAAGAA GTATTAGAT TTACTATCCC AAAATTTTGA TACTCCAGAA AACTTGCAA 360  
 15 CTGAAATTAT CAATTTAGAA TCAATTTTAG AATTACCTAA AGGTACGGAA CATTTCGTCA 420  
 GCGATTTACA TGGTGAATAT GAAGCTTTCC AACACGTATT ACGCAACGGT TCTGGGAACG 480  
 TGCGAGCGAA AATCAATGAT ATTTTCAAAG AGAGACTTTC AACTAAGGAG CTTAATGACT 540  
 20 TAACTGCTCT TGTCTACTAT CCAGAAGrCm AATTtAAAAT TgATTAAAAG TGATTTCCAA 600  
 AATTgCGGtC mACTTAATGt CyGGtATATC ACaACmATCG aACATTTAAT TGAGTTAATT 660  
 25 AAATATTGT 669

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 389:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 30 (A) LENGTH: 1249 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 389:

35 CACATGGCTG TTAGAGATAT GAATGGCCAT GCGTTACCTT TAACAAAAGA TGGCAATTTT 60  
 TATCAAACGA ATGTAGATGC AAATGGTGTT AATCATGGTG GTAGTGAAAT GGTGCAAAT 120  
 40 AAAACAGGTC ATATGAGTCA ACAArGCCAT ATGAATCAGA ACACACATGA ACCAACAGCC 180  
 ACACATGCAA CAAGGTCATA TGCAATCATC AAACCATCAA ATGATGAGTC CAAAAGCAAA- 240  
 TATGCATTCA TCAAATCATC AAATGAACCA AAGTAACAAA AAAGTTTTAC CAGCTGCTGG 300  
 45 TGAAAGTATG ACATCAAGTA TTCTTACTGC AAGTATTGCC GCACTACTAT TAGTATCTGG 360  
 GTTATTCTTA GCATTTAGAC GACGTTCAAC AAATAAATAA ACATAATACG ATTAATAATA 420  
 50 GAAAAATCGT GTGATTATCT GaGGGAGCCT AGGACATAAA TCAATGTCCT AGGctChCTA 480  
 AtGTTATATT GGCAGTAGTT GACTGAATGA AATTGCGCTT GTAACAAGCT TTTCCATTTC 540

55

CGATTGTCTT ATACGTGTCA GTGTTAATTC AGATATTTCC TGTGGAATAT ACCACTTATT 660  
 AATCATAATT GGATAAGGTG cTTGTGCGTA CAGTGTTCa ATAATCAGCC AACAATGTGT 720  
 5 ATCACCATCA AACACGTGAC TATGATTTTt GAAGTGGGGC GCTTTGGTAA TAGACATTTT 780  
 TAAATCTGAT TGATATGCAT TGCTATAAAT CGTTTGCTCA ACGAATGTCT TCATGTCGTC 840  
 TTCGTTTTGT GTATTCACCTT TAAATGTGTC AATGACATTT AACGGTATAA AGGTAAAGCA 900  
 10 AAATGCATCA GCTTGCTTAG AATGATTGTC CTTTTTTTGA TAATAGCGTT CCATTGCAAT 960  
 GACGGCAGAA GGATGGTTTG CAAACAAATG ATTTGTATAT TCACTTTCTA AATCAACACG 1020  
 ATAATTAATT GATGACATAG ATACGCGAGC TAGCAATATT TGATCAAGTG GATGCTTAAA 1080  
 15 TTGATCCATA CTTGAAGCGT GTTGGGCATT TGTTTGTGGA ATAACAAAGT GTCCCTTCCC 1140  
 TCTTGACTC TCTACGATGC CATCTTCGGC TAACAATTTt ATAGCTTGGC GCAAAGTCAT 1200  
 20 ACGACTGGAC ATCAAAGCGC GCACAAAGTT CCTTTTCAGT AGGTAATGC 1249

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 390:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

25 (A) LENGTH: 1788 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 390:

AATGATGATT CATTCAAAGA AATTAACGCT CGGTATATGC TTGGTATTAC TCATTATATT 60  
 GATTGTAGGT TATGTCATTA TGACAAAAAC AAATGGTCGA AACGCCCAA TTAAAGACAC 120  
 35 ATTTAATCAA ACATTAAAT TATATCCAAC CAAAATCTC GATGATTTTt ACGATAAAGA 180  
 AGGCTTTCGA GATCAAGAAT TTAAAAGGG TGATAAAGGT ACTTGATAG TTAATTCTGA 240  
 AATGGTAATC GAGCCAAAAG GTAAGGATAT GGAAACGAGA GGAATGGTGC TCTATATCAA 300  
 40 TCGCAATACT AGAACCACAA AAGGGTATTA TTTTATAAGT GAAATGACAG ATGACAGTAA 360  
 CGGCAGACCA AAGGATGATG AAAAAAGGTA TCCGGtAAAA ATGGAACATA ATAAAATCAT 420  
 ACCAACGAAG CCACTACCGA ATGACAAGTT AAAAAAGAG ATTGAAAAC TTAAGTTCTT 480  
 TGTACAATAT GGCAACTTTA AAGATATTAA TGATTATAAA GATGGTGATA TTTCATATAA 540  
 TCCTAATGTA CCAAGTTATT CGGCAAAATA TCAATTGAAT AATGATGATT ATAATGTCCA 600  
 50 ACAGTTaAGa AAAAGATATG ATATTCCAAC CAAACAAGCG CCGAAACTAT TATTGAAAGG 660  
 CGATGGAGAT TTAAAAGGTT CATCCGTAGT TcTAGAAGTC TTGAATTTAC CTTTGTGCGAA 720

55

	AGGTATGAGT CAAACTGAAT ATCAAATAAA ACCTGGTAAT ATAACAAGTA ACTCTGAAGA	840
	AACAAGTTCG ATATCTAAAG TGAGCTGTGA AATATAGGTA GCCATTTCAA AAAATTTAAA	900
5	GGTGAATTTG ATAATGTAGC TCAAGGAGAT TGGGTAAAA AGGCGAAGAA TGAAGTGGAT	960
	GATATTAGTA AGAAATTAAA AAATATTCAA AGAACGGAAG TTTAATAGCT TATATGATTC	1020
	TTGGAGCTAA GACAGCATGC GTTCATTCAT GCCATTATTA ATATAAGCAC CGCAACAAAA	1080
10	AAGCTTCTAA TGTGATACAG GAACCTCATA TTCCGTATCA TGTTAGAAGC TTTTAATGTC	1140
	TAAAGAACAT CTACATTTTA TCATATTTTC TGACTTATTA AACTTTTATA TAATTAAATA	1200
	TTTCTTAATT TTCCAAAATA GTGATAAATT TGTGAAATAC ATCACAAATC CCTTTATTTA	1260
15	TTTGGAAATT CATGTAATAT TAGACTTGTA AGAAGTTAAT AAATAGAGAG AGACGAGAGA	1320
	GTTTATATAA ATACTATATA AACATTGGAG TGATGATTAT GAGAAAAGAG ATTGAAGCGC	1380
20	TTATTTTCTC AGACGTAAEA GCTATGATAT TTACGTGAAC ACTGGTGTAA ATCAAGGATT	1440
	AATTGGTGAC ATCAAAGATG GTTACCTAAC TATTGATTCT ATGCCTTACA TTGATGCTGA	1500
	GCGTTTGTAT CACTTTGCTA TGGAACGTAA ATCGTTAGTC ACTAACTAGT TCTTATTGCC	1560
25	AATGATTACT ACCCCTAGTC GCGGCAATT GAAGTGTGAT TGATGTAACT TGCCCTCGTT	1620
	GGTGAGCAAT TGAGGGCAGA CCCCTTTAAT TAAGTAAACC CTAACCCCC ACAAATCTGG	1680
	AACGATACTA AAAGCCACGT CCTATATTGG ATGTGGCTTT AGTCaKACTT ATATTATTTT	1740
30	tAAAACGATT ACCTACAAGA TTTACATATA AAATTCTATC ATGnCTGC	1788

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 391:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

35	(A) LENGTH: 2407 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

40

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 391:

	GCAAGTTTAG TTAAACAGAT ATTAAAACCA GATCAATATA CAGATGCAAA TTCTCTATTA	60
45	GAGATTAGTT TGCAAACAGG TATGTTTATT GCAGGTGGAT TATCAGGAAT ATTATATAAA	120
	ATAAATGGAT TCACTCTAAT TATAGCGATG ACTATAATGA TGTTTCTAAT CAGCATTTTT	180
	ATGTTATTTA GATTGCATGT AGATAAACCA ACTCATTCAG AGGAAGAATC AACAAATAGC	240
50	TTATTGCAAG AATATTTATT AGGATGGAAA TTTTAAAAG ACAACATGAT GATATTTATT	300
	TTTGGAGTTA TTTCAATCAT ACCAATGGTG TTTACAATGA TCTTTAACAT ATCATTACCA	360

55

	TATGGCATTG GAGGATTATG TGCAGGTTTA ATTTTCAGCTA TTCTTTTCGAA GAAAATCTCA	480
	ACTAAAGTAT TGATATTTTT GTTATATTTT ATATTAGTCA TAAATTCAGC ACTATTTATT	540
5	TGGATAAACT CAGCATTTTA CTTATTCATA GGATCATTTA TACTAGGCTA CTCAATTTCA	600
	TCAATCAGAA TTTATATGAA TACAGCTATA ATGAACACTG TTTCAGATAA ATATGTCGGT	660
	CGCTCATTTA CGATATGGAC GTCAATTTCA TTGTTACTGC AAAGTTTAAT TGCTCCATnT	720
10	TTAGGAAGAT GGATTAATGA AATTAATGAT AAATTCGGTT TCTATATTAT ACTCATTTTA	780
	TCCTTACTCA TATTTGTaCA CTGCTGCTTG TTAACAAAAC AGACAAAATA AAATATGCAC	840
	ATAAAGAAGA GTGACCGTCA CTCTTCTTTA ACAAGCGACC ATTTATCGaT GGGCTTAGTT	900
15	CTCTCTGCAC CCACACTTCA CTACTTCACT TTTTCAAATC ATTTTTTATG GTCTTAAATA	960
	AATCAGTGAG ATTTGTTGCT TCGGTAAAGT CTAGAATTAA TATCATTTCT TTAGAACCTG	1020
20	GATATGGCGA AACTAATGTA TTATCTTGCA ATTTCTGCTG GGCACTTTTA GTCGCCTTGA	1080
	CCAATAATCT ATTATCATAC AAACCACCTA TAACCACGCC ATCATAATAA ATAATATATT	1140
	CTCCCATCAT CTTTCTTGTC TTAACCGCGT TTGAATTCAC ATGATTTAAA AATAAATCAT	1200
25	GTACATCTTT CTTAGTCGCC ATTGTAATCG CTCCTTCAGT TTTATGTTTA ATCACATTCG	1260
	TATTAATGAT TCATTTTCGTG TTGCTCTTAA TTTTATCTAT AATTATATGC GTAGTTAAAA	1320
	TCAAACCTAT GGAAAAGAAA ATAATGATAA CAATGTTAAG AAATATAGTT ATAAAATTAT	1380
30	AGTTTGGAAG GTATGCGAAT AGCAGAAAAA TAGGTATCGC AAAAAATAAA TCCCACCAAC	1440
	CTAAACTTTT TAAAGAATGC TTAAACCTT CCATAATATC ACCTTTATAA ATTTGTCTTT	1500
	GTTATAAGAT AACTAAAAAA TCGCTTTACT GTAAAAGTAG CCAAAGAAAA TTCTGAATCA	1560
35	TATTCATAAG TAGTGTATCA TTAATAATGA ACAATTTAAT ACTATAATCC TTGATCTTTG	1620
	TATTGATCAA CTTACCACAA CATTTATTTT AGACTACTCT TAGACTTCCC TTTCAAATGG	1680
	TTGCATCTAT TGAAATTCCT TTTGTATAAG TTAGGCTTTT GTGGTAATAT CATCATGCAT	1740
40	AAAAAATCGA GATACTAATT ATAAAGAGGG TATAAATATA TTATGAAAGA AAATTTTGG	1800
	AGTGAATTAC CACGTCCATT TTTTATTTTG GCGCCAATGG AAGACGTTAC AGATATCGTC	1860
45	TTTCGACACG TTGTAAGTGA AGCAGCTAGA CCGGATGTGT TTTTCACTGA ATTTACAAAT	1920
	ACTGAAAGCT TTTGCCACCC TGAAGGCATA CATAGTGTGC GCGGACGCTT AACTTTTAGT	1980
	GAAGATGAAC AGCCGATGGT CGCTCATATA TGGGGAGATA AGCCAGAACA GTTCCGTGAA	2040
50	ACGAGTATTC AATTAGCTAA AATGGGCTTT AAAGGCATAG ACTTAAATAT GGGATGTCCT	2100
	GTAGCAAATG TTGCTAAAAA GGGTAAGGGT TCCGGCTTAA TCTTAAGACC TGACGTTGCT	2160

55



GGCTACTATG AAATCGATGA ATGGAAAGAT TGGTTGAAGC ACGTCTTCGA ACAAGACATT 2280  
 GCCAATTTAT CTATTCATCT TCGTACACGT AAAGAAATGA GTAAAGTAGA TGCACATTGG 2340  
 5 GAATTAATCG AAGCTATTAA AAATTTACGT GACGAAATTG CACCAAATAC ATTGTTAACA 2400  
 ATTAACG 2407

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 392:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2424 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 392:

20 ATGATGnATG GcncCGCCAA GAAGTTGAAC CAGTCTATTG GCTAGAATTG CTCAAAAAGC 60  
 GAGAcATGTG GTATTCaTAT GTTaGTAgCt ACGCAAAGAC CATCTGTCAA TGTAATTACA 120  
 GGTTTAATTA AAGCCAACAT ACCAACAAGA ATTGCATTTA TGGTATCATC aAGTGTAGAT 180  
 25 TCGAGAACGA TATTAGACAG TGGTGGAGCA GAACGCTTGT TAGGATATGG CGATATGTTA 240  
 TATCTTGGTA GCGGTATGAA TAAACCGATT AGAGTTCAAG GTACATTTGT TTCTGATGAC 300  
 GAAATTGATG ATGTTGTTGA TTTTATCAAA CAACAAAGAG AACCGGACTA TCTATTTGAA 360  
 30 GAAAAAGAAT TGTTGAAAAA AACACAAACA CAATCACAAG ATGaATTATT TGATGaTGTT 420  
 TGTGCATTTA TGGTTAATGA AGGACATATT TCAACATCAT TAATCCAAAG ACATTTCCAA 480  
 ATTGGCTATA ATAGAGCAGC AAGAATTATC GATCAATTAG AGCAACTCGG TTATGTTTCG 540  
 35 AGTGCTAATG GTTCAAAACC AAGGGATGTT TATGTTACGG AAGCAGATTT AAATAAAGAA 600  
 TAATTATGAG TAAGGAGTTT TATATAATGA CACACTATCA TTTTGTGCGA ATTAAAGGTT 660  
 CTGGCATGAG TTCATTAGCA CAAATCATGC ATGATTTAGG ACATGAAGTT CAAGGATCGG 720  
 40 ATATTGAGAA CTACGTATTT ACAGAAGTTG CTCTTAGAAA TAAGGGGATA AAAATATTAC 780  
 CATTTGATGC TAATAACATA AAAGAAGATA TGGTAGTtAT ACAAGGTAAT GCATTCGCGA 840  
 GTAGCCaTGA AGAAaTAGTA CGTGCACATC AATTGaAATT AGATGTTGTA AGTTATAATG 900  
 ATTTTTTAGG ACAGATTATT GATCAATATA CTTCAGTAGC TGTAAGTGGT GCACATGGTA 960  
 AAACCTCTAC AACAGGTTTA TTATCACATG TTATGAATGG TGATAAAAAG ACTTCATTTT 1020  
 50 TAATTGGTGA TGGCACAGGT ATGGGATTGC CTGAAAGTGA TTATTTGCT TTTGAGGCAT 1080  
 GTGAATATAG ACGTCACTTT TTAAGTTATA AACCTGATTA CGCAATTATG ACAAATATTG 1140

TGGCACATAA TGTTAAAAA GGTATTATTG CTTGGGGTGA TGATGAACAT CTACGTAAAA 1260  
 TTGAAGCAGA TGTTCCAATT TATTATTATG GATTTAAAGA TTCGGATGAC ATTTATGCTC 1320  
 5 AAAATATTCA AATTACGGAT AAAGGTACTG CTTTGTATGT GTATGTGGAT GGTGAGTTTT 1380  
 ATGATCACTT CCTGTCTCCA CAATATGGTG ACCATACAGT TTAAATGCA TTAGCTGTAA 1440  
 TTGCGATTAG TTATTTAGAG AAGCTAGATG TTACAAATAT TAAAGAAGCA TTAGAAACGT 1500  
 10 TTGGTGGTGT TAAACGTCGT TTCAATGAAA CTACAATTGC AAATCAAGTT ATTGTAGATG 1560  
 ATTATGCACA CCATCCAAGA GAAATTAGTG CTACAATTGA AACAGCACGA AAGAAATATC 1620  
 CACATAAAGA AGTTGTTGCA GTATTTCAAC CACACACTTT CTCTAGAACA CAGGCATTTT 1680  
 15 TAAATGAATT TGCAGAAAGT TTAAGTAAAG CAGATCGTGT ATTCTTATGT GAAATTTTTG 1740  
 GATCAATTAG AGAAAATACT GGCGCATTAA CGATACAAGA TTTAATTGAT AAAATTGAAG 1800  
 GTGCATCGTT AATTAATGAA GATTCTATTA ATGTATTAGA ACAATTTGAT AATGCTGTTA 1860  
 TTTTATTTAT GGGTGCAGGT GATATTCAAA AATTACAAAA TGCATATTTA GATAAATTAG 1920  
 GCATGAAAAA TCGGTTTTAA TATGTTTATA ATAGAGTAGT ATGGGTATTT ATTATTAATG 1980  
 25 ACATTATTAC ATGTTAATTA GGAGGCGTTT TTAATGGATT GGATTTTACC AATTGCTGGA 2040  
 ATTATCGCTG CGATTGCATT CTTAATTTTA TGTATCGGTA TCGTAGCTGT ATTAAATTCT 2100  
 GTTAAGAAAA ACTTAGATTA TGTTGCAAAA ACACTTGACG GTGTAGAAGG TCAAGTTCAA 2160  
 30 GGTATTACTC GTGAAACAAC AGATTTACTT CATAAAGTAA ACCGTTTAAC TGAGGATATC 2220  
 CAAGGTAAAG TAGATCGTTT AAACTCAGTT GTAGATGCTG TTAAAGGTAT CGGTGACTCA 2280  
 GTACAAACGT TAAACAGCTC TGTAGATCGT GTAACAAATT CAATTACACA TAATATTTCT 2340  
 35 CAAATGAAG ATAAATCTC ACAAGTTGTT CAATGGTCAA ATGTTGCAAT GGAAATTGCA 2400  
 GACAAATGGC AAAATAGACA CTAC 2424

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 393:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 738 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 393:

CnATAATATT CnTCAAnCCT TTAAATAGAG GAATAGACTG CCGACAGAGT CCGAGACTTT 60  
 GTGGGTAGTT TTTTtagTTT TGATAACGGA AGTTAGAGGC TCTCTGTCAA ATTGGGCAGA 120

AGTGTAAGT TTTCAACATA ATACTATTAG TTCGGTCATG TATCGGACTG ATGGAAAAGC 240  
 GTTTCACCTT TAATGACTCA TTAAGAACGG CCTGAAAATG TTTGGCGTAT TAAGTGCAAT 300  
 5 GATAGTTTTG ACATTTAGTT TCTAATTGGT CATTACTGCC GAGCAAATCT AGTAGAGTAA 360  
 TCATGTAAAT CTTTAATGTG CCATTGATT CACTAGCGGT GTTAATAACT ACGGAAATTG 420  
 CATTTCGAC TGAAATTTTT GAAAAATATC AACGTACGCT ACAAATAAAA TTTTAACTG 480  
 10 TTATAAATGT GTCTCAATTT CATATGTTCA TCGACGATAT GAAGCGTATT ATGGTAAAAT 540  
 GAAGAAATAA TAACTTGTT AATAAATAAA ACATCACGAT TTGACTAAAG CACTTTATTA 600  
 15 TTGTGTAGAT AATAGTTTTT TAACGAAATA AAAATGGCGA CTGGTTTTAA TAAATCAGCT 660  
 AATGAATCAC TACACCTATA AGTATGAATA TAGTGATTAG AATGCTTTGT ATAGTTGGAT 720  
 TTTGCAAAAT TGATGTTA 738

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 394:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1270 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 394:

30 AAAAGTTGTA ATTAAAAGTG GGATTTTACT TAAGnnAGAA GGAAACTATT TATATGACTA 60  
 ATAAAAGAGn AGATGTCCGC AATATAGCAA TTATTGCTCA CGTTGACCAT GGTAACAA 120  
 CTTTAGTAGA TGAGTTGTTA AAACAATCTG GTATATTCAG AGAAAATGAA CATGTCGATG 180  
 35 AACGTGCAAT GGACTCTAAC GATATCGAAA GAGAGCGTGG AATTACGATT CTAGCCAAAA 240  
 ATACGGCTGT TGATTATAAA GGTACACGTA TTAATATTTT GGATACACCA GGACATGCAG 300  
 40 ACTTTGGTGG AGAAGTAGAA CGTATTATGA AAATGGTTGA TGGGGTTGTC TTAGTAGTAG 360  
 ATGCGTATGA AGGTACAATG CCTCAAACAC GTTTTGTACT TAAAAAGCG CTAGAACAAA 420  
 ACCTGAAACC TGTGTTGTT GTTAATAAAA TTGATAAACC ATCAGCACGT CCAGAGGGTG 480  
 45 TTGTAGATGA AGTTTTAGAT TTATTTATTG AATTAGAAGC AAACGnTGAA CAATTAGAAT 540  
 TCCCTGTTGT TTATGCTTCA GCAGTAAATG GTACAGCTAG CTTAGATCCT GAAAAGCAAG 600  
 ATGATAATTT ACAATCATT TATGAAACAA TTATTGATTc ATGTACCAGC TCCAATTGAT 660  
 50 AACAGTGATG AGCCCATTA AATTCCAAG TAGCATTGTT GGACTACAAT GATTATGTTG 720  
 GACGTATTGG TATTGGTCGT GTATTCAGAG GTAAAATGCG TGTCGGAGAT AATGTATCAC 780

GATTAAAACG TTTAGAAATT GAAGAAGCAC AAGCTGGAGA TTTAATTGCT GTTTCAGGTA 900  
 TGGAAGACAT TAATGTTGGT GAAaCTGTAA CACCACATGA CCATCAAGAA GCATTGCCAG 960  
 5 TTCTACGTAT TGATGAGCCT ACTCTTGAAA TGACATTTAA AGTTAACAAT TCTCCATTTG 1020  
 CTGGCCGTGA AGGTGACTTT GTAACAGCAC GTCAAATTCA AGAACGTTTA AATCAACAAT 1080  
 TAGAAACAGA TGTATCTTTG AAAGTTTCTA ACACAGATTC TCCAGATACA TGGGTAGTTG 1140  
 10 CTGGTCGCGG TGAATTGCAT TTATCAATCC TTATTGAAAA TATGCGTCGT GAAGGTTATG 1200  
 AATTACAAGT TTCAAACCA CAAGTAATTA TTAAAGAAAT AGATGGTGTA ATGTGTGAAC 1260  
 CATTGAACG 1270

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 395:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1365 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 395:

AAGACCAGGA GAACAmGTAA AACAAATATAC AGTTGaaATC GCTCGTAAAT TAATGGAATT 60  
 TGATATAAAA TGCTCGTGAT TGCTTGTA AAA TACGCAACTG CTGTnGCTTT AGAATATTTA 120  
 30 CAAAAGACCT TATCAATCCC CAGTGATTGG CGTAATTGAc CAGGTGCTAG AaCAGCAATA 180  
 ATGACTACTA GAAATCAAAA TGTATTAGTA CTAGGAACGG AAGGCACAAT TAAATCTGAA 240  
 GCATATCGTA CGCATATTAA ACGTATCAAT CCACATGTAG AGGTACATGg CGTTGCCTGT 300  
 35 CCAGGTTTTG TGCCACTTGT AGAACAAATG AGATATAGTG ATCCAACAAT TACAAGCATT 360  
 GTCATTCATC AAACACTGAA ACGTTGGCGT AATAGTGAGT CTGATACTGT CATTTTAGGA 420  
 TGTACCCACT ATCCATTGCT CTATAAACCT ATCTATGATT ATTTTGGTGG TAAAAGACA 480  
 40 GTGATTTTCGT CTGGATTAGA AACGGCTCGT GAAGTTAGTG CATTGCTAAC ATTTAGTAAT 540  
 GAACATGCAA GTTATACTGA ACATCCAGAT CATCGATTTT TTGCAACAGG TGATCCTACT 600  
 CACATTACTA ACATTATCAA AGAGTGGTTA AATTTATCTG TCAATGTGGA ACGTATATCA 660  
 45 GTGAATGACT AGGAGGATTT TTAATGAAAG AGATTGTTAT TGCATCGAAT AATCAAGGGA 720  
 AAATAAATGA CTTTAAAGTA ATATTTCCAG ATTACCACGT AATAGGTATT TCAGAACTAA 780  
 50 TACCAGATTT TGATGTGGAA GAAACAGGAT CAACATTGTA AGAAAATGCT ATATTAAAAT 840  
 CAGAAGCTGC TGCAAAAGCA TTGAATAAAA CGGTCATAGC TGATGACAGT GGACTIONAG 900

GCGATGAAGC AAATATTGAA AAATTATTAA ATAAGCTTGG TAATACAACT GATCGTCGTG 1020  
 CGCAATTtGT TTGTGTCATA AGTATGAGTG GCCCTGATAT GGAAACAAAA GTATTTAAAG 1080  
 5 GTACTGTTTC AGGTGAAATT GCAGATGGAA AATATGGCGA AAATGGTTTC GGATATGATC 1140  
 CGATATTTTA TGTACCGAAA TTAGATAAAA CCATGGCTCA ACTTTCAAAA GAACAAAAAG 1200  
 GGCAAATTAG TCATAGACGA AATGCGATTA ATTTACTTCA AGCTTTTCTT GAAGGTGATA 1260  
 10 AAAATGTCTA AATGGATTAT TGTGAGTGAT AACCATACTG AATCAGGCGT TTTATATCAA 1320  
 ATTTATGAAA TGCACCCAGA TGCAGATGTA TATTTACATT TAGGA 1365

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 396:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1383 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 396:

25 AATTCCTGGT GCAATAATAA ATAGGATGAA AAAGATTCGG AAAATATGAT AACTCGTAAT 60  
 CATAGCAACA TCGGCACCAG TAGCTAATGC AACTAAACT ATCTGATTAA CCCCTCCTGG 120  
 TGCTGCACCA AGaACAATT CATTAATAGG ATTATTATCA AAGAAATGTA TGATATAAAC 180  
 30 CATGATTAGC GCACCAATTA TCAACATAAT ATTTTGAATT GTAATTGCGA TTGCTAGTCT 240  
 ACCTTTTAAA TCTGACAATA AATGCGCAAT TTGAACTCCA ATTCTAATCA TATATATTAG 300  
 TTGTGCCATG TTCAACAACC AATGATCTAG TGTAATGTT AAACCTGTAG AAAAATTCCA 360  
 35 AACAATTAAT ACAATGAGTG GTGCTAATAA TTGAAATGTT GGAAACTTTA TTTTAGACAT 420  
 AATTAGATAA ACTATAAAGA TAGCTATCGC TAAATAACT ATTTGCCCTA TGTTTAATAC 480  
 TTGTGATAAA GGCAAGACTT TTGTAACTT TCCATTGCGA TGCATGTTAC CATCATGAAA 540  
 40 AAAATATGAA ATGAACGGTA CTAAAACAAC AACAAATATA ATTCGTGATG TTTGCGTTAA 600  
 GCTAACAACT AACAAATTAG CACGTTTGTC TTGTTGAGCC ATGACCAGCA TTTGTGTTAG 660  
 TGCTCCTGGT ATAACACTTA AAATAGCTGT TTCTGTATTA ATACGTGCAA TTTTTTTAAA 720  
 45 AACAAATGCC ATTACTATTG CAATTAATAA TATCGAAATA GATACAACAA TAATCGAAAG 780  
 CCAATTGTTT TTAATATCCA TAACGACATT TTTGTAAC GTTGATCCGA TTTGCACACC 840  
 50 TAATAGTACA ATACCTAATT CACTAAGTAA GAATGGCCAT TTAATATCAA GTTTGAAAAC 900  
 TTTTACACAA ATGATTGATG CGATAATAGG ACCAAACATA AATGGAAGTA ATACGTGCGA 960



TATCATTGCC ATGTTTTCCA CTTCTTTCAA TAAAAAATAA AATGACTAAA TTGCTGCTTG 1080  
 AGCTTCACGT TTGTTAAGAT AACAAATATCC GCTAGCAGTT tTGACTACAA AGCATATATG 1140  
 5 GaCTTTCaCT ATCAAGTCGC CGCCCATGCC TTATATACAT TTAAAAnGAG CCTGAACAAA 1200  
 GTTCAGGCTC TCAATTTGTC CGTATATTTA TTTTACAATA CGACTTAAAG CCGTATCAAA 1260  
 TGCTTGAATC GTTTTTCAAT ATCTTCTTTC GTGTGTGCCG TAGATAAGAA TGTACCTTCA 1320  
 10 AATTGAGATG GnGGnAAAAA CACACCTCTT TgnCATTCTC GGTACATTTTc TGCAATAATT 1380  
 TCC 1383

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 397:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 415 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 397:

25 TCCACTAAaA TGATTACAAT TGCATTAGTT TGGTGGAGTG CATTTACAAT CTTAACGGGT 60  
 ATGATTAAAG ACCACGGTTT AATTaTTTAG TGAGATTCTT ATTTGGTGTA GGTGAGGCGC 120  
 CAATGTACCC TTCTAATGCT GTGTTTAATT CATTTTGGTT CTCTAAAAAT GAAAAAGGTA 180  
 30 GAGCATCAAG TGCATTATTA GCAGGATCAT ATTTCGGACC TGTATTAGCA CCAATAGTTA 240  
 CAATTGCTAT TGTTAACGCA TTAACTGGC AAGCAGTATT TTACATTTTTT GGTGCAGTAG 300  
 GTATTTTAAT GGCKGTATtA TGGGCGATTA TTGCCAAAGA CTTACCTGaG CrACATAGwa 360  
 35 TGGTTAATGA AGCGGAGAAA CGTTTCATTA TGGAAAATCG TGATATCGTA GCTAC 415

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 398:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1141 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 398:

TTTTAGaTaA aTyCAATTnT CyATaCTaAA TgATTnTCTT ATTaCGTCAA TTcGCCTTTT 60  
 aTTTTATCGT AATCTTTCCa CTGCAAAGCT AAAGCTTCTC CTATTCTAAG ACCAGAATAA 120  
 50 AATAACAGTC TAGTTAGCTG ACGAGAAGTA TCATTGTGA TTTGTTCTAC TTTTTCATCA 180

AATGTGGGGT CGTATAAGAG CTTGTAATGC TTTTGGCGT AATTGATAAC TGCTTTAAAA 300  
 CCTGCCCACA CAGATCGTGC ATAGTCAACA GAAAGACCTG CATCGTTTAA CAAATAATTC 360  
 5 CTGAAAGCAG TACATTGCGT AGTAGTGATT TTGCCAATAG GGATATTTCC GAACCTTTCT 420  
 TTTATGTGAG TATTATATTC TGTAGTTCGC TTTTCTATTG AGCGTGCAGA AAGATTTTCA 480  
 TTTTAAAC GATCAAAAAA TATATATTCA AAGGGTTGAT TGTCCGAGTA TCCATATTTA 540  
 10 ACATTTTGTA TAAATTCGCT TTCAGCTAGT TTGGCATCTT TCTTACGTTT AAACCCACGC 600  
 TTCATTTTTC GTTTGTTATT ACCGTATACA TCTTTATATC TAATGGAAAA ATACCATTTA 660  
 CCTGTATTAT CATCCTTATA TACTGGCATT TTGCTTCTCC CTCCTCAAAA TTGGCAAAAA 720  
 15 ATAATAAGGG TAGGCGGGCT ACCCGAAATT TAGTACTAGG TACTAAATGT GATATAATAA 780  
 AATAAAAAGT AGGTGATGTT ATGACATTTA AAAACAATCA TAATTTCAAT GAATTAGTTT 840  
 20 TAACGAATGA AGACATTAGA ATTTTAAAAA ATGTCTTAGA AGATGCAGTC AGTGTTTATG 900  
 ATGAATATTC GGTATGTAAT GAAGAATCCG ATTTTGCTTA CTGTTTATTA AGAGACTTAT 960  
 ATACATTAGA CAGCTTAGCT ATTCGTCAA ATAATGTTTG AATTATCGAA TTGTACTCTT 1020  
 25 CGATTTTAAT ACCATGCATA ATAGAGTTTC TGTGTTCAAT AGCAGCTTTG ACTGAATGk 1080  
 TTAAATGTTT TTCTATTAAA TCGTTGTTTt CCAcTTcGk TAaAAATGTt CyTATATTCC 1140  
 T 1141

30 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 399:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 706 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 399:

40 ACTGTGGTAG GTTTTTTATT TTGAAGTATT AATCATAACA GACTAATAAT CATGAGGTAA 60  
 CTAATAACAC ATATTAACT TGTATTCTTA AACTGGTATA ATAAATTTAT GTTGAAATGA 120  
 ATATTGTATG ACAGGGTATT CACTTTTATT AAAAGGTAAA ATTAAATAAA GGTTTTATAG 180  
 45 AACGTATTTA AATATATGAG GAGTAAACAA ATGGCTGATA GAACGAATAA AGAAATTAAA 240  
 ACAGGACGCT TTATTGCAAC TGCATCAATC GTATTCTCAA TATTATTGAT TATTCATTAC 300  
 50 TTTGTTTCGT TGGATAATGC GACTGCCAAA GCATTACTTA ATTTAACGAA TCAAAACACT 360  
 TCAGATAAAG CGATTGATTA CATTTTAAAC AGCTTTAGAT TCACTGGTAT TATGTATATT 420

55

ATGTTTGCAG TTTATGTATC AAATAGTTTG TTTACGTTGA TTAATTTATC AATCACAATT 540  
 CAAGCAATAA AAGCTGCACA CGGTGCGTAC TTAACATTGC CAATTTTAAT TGTTATTATA 600  
 5 GGTTCGGTTG CATTAGCGAT TTATATGCTT GTTGTTTCTA TCAAACGTAA AAGTACATTT 660  
 AATCGCTAGA AAATTGATTT TAACAATAAA AATATGAAAA AAAAnn 706

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 400:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1187 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 400:

20 ACACAATCTG AAGATTCACG TTGTGGTGCT GGACATGATC GAAAAATTAG AGCTGAACAA 60  
 ATGAnAGAAA TCAGTGATTT TGTTAAAAAG AAAAATATCC CTAAAGATGA AACGGTATAT 120  
 ATAGGTGGCG ACCTTAATGT CAATAAAGGC ACTCCAGAGT TCAAAGATAT GCTTAAtAAC 180  
 25 TTGAATGTAA ATGATGTTCT ATATGCAGGT CATAATAGCA CATGGGACCC TCAATCAAAT 240  
 TCAATTGCGA AATATAATTA CCCTAATGGT AAACCAGAAC ATTTAGACTA TATATTTACA 300  
 GATAAAGATC ATAAACAACC AAAACAATTA GTCAATGAAG TTGTGACTGA AAAACCTAAG 360  
 30 CCATGGGATG TATATGCGTT CCCATATTAY aCGTTTACAA TGATTTTTCA GATCATTACC 420  
 CAATCAAAGC CTATAGTAAA TAGTGCTCAA CTAACATAA ACTTGCTtCG TTCTAAAAGG 480  
 ACGAAGCGAG TTATATTGTT AAAATTGAA TTGACTTACA TTTTAATAAA ATCATCTTAA 540  
 35 CAACTTTAAT TTTTCaTTAA TACAaGTCTT TACTCTACAC TCAAACnAGA TTCATACACT 600  
 GCACGTCATA ATAAATCTAT CTATTCAAAT ATAAATAAAA GTTACCTACT ACATTCTATG 660  
 40 TAGCAGGCAA CTTTTATTAC TTATTCTTT TCATTATCAT TAAGTACTTT TACAAACTTC 720  
 ACATTATGTG TCTTCCAATC AACTTCATAT AATGCTGATA ATTTTCTTC TTTTTATCT 780  
 ACATGGTTTT CACCAGACCA ATAGCCCCAG AAACCATGGC GATTCCAATC TATTTTAAAC 840  
 45 TCATCCATTG ATCTTTTATA ATGAACAACA AATTGTGATT TACCTTTGTC TTTTTATCA 900  
 TGTGACATAA CAGCTAAAAA TTCTGGATTA AACCTTCAG ACACAGTTAC AGGCATTTTG 960  
 TCTTTAGGTG TGAAATTATC TTTCGCCCAT AAATTTCCAT TTCGTGTAA AGAAAAATT 1020  
 50 TCACTTTTAG TTCTATTATC ACTATCATTG GTTAATTGTC TCGTATGGTC ATGTCCATA 1080  
 TTATTTATCA AATGTGCTTC TACTTTCCAA CCTACACCTT TATGTGACGT AGATTGATCA 1140

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 401:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 847 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 401:

CCAGAATTAT TTTTTCAAAA AGGACAATTT AACAAATGTCG ATAACGTTAT CATAAGCAAA 60  
 CCGATGAAAG GGACAATGCC TAGAGGTAAA ACGGAAGCTG AAGATCAACA GTATTATAAA 120  
 ACATTGCAAA CTTCTTCGAA AGATCGTGCA GAAAATGTCA TGATTGTTGA TTTACTAAGA 180  
 AACGATATAG GGAGAATATC ACAGAGTGGC TCAATTAAGG TGTATAAACT ATTTTTTATT 240  
 GAGGCATATA AACTGTATT TCAAATGACT TCGATGGTAA GTGGAAC TTT AAAAATAAT 300  
 ACAGACTTAA CTCAAATTTT AACATCGTTA TTTCCTTG TG GTTCGATTAC AGGTGCACCG 360  
 AACTGAATA CAATGAAATA TATTAAACAA TTAGAAAGTT CACCTCGTGG TATATACTGC 420  
 GGACAATTGG ACTATTACTT CCAACTGAAG ATGATAAAAT GATTTTAAAT ATTCCGATTC 480  
 GCACTATTGA GTATAAATAT GGACAAGCGA TTTATGGAGT CGGAGCAGGT ATTACAATTG 540  
 ATTCTAAGCC AAAAGATGAA GTGAATGAAT TTTACGCAAA AACCAAGATT TTGGAGATGT 600  
 TATAATGCAA TTATTTGAAA CAATGAAAAT TGATAATGGA CATATCCCTA GACTTACTTA 660  
 TCATACTAAT CGCATAAAAT GTTCTTCTGa GCGATTAAAC TTAAATTTG ATGAACATGC 720  
 ATGGCGAAAT GAATTAAACG ATGTAACAAC AAAGTATCAC AGTGGTCAAT ATAGACTTAA 780  
 AATCGTATTA AATGCTGAAA GCAAATTTGA AACGATAGTG TCACCTTTAC CTGAGAAAAG 840  
 TAGTTTT 847

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 402:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 740 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 402:

TGAAGATGAA GCAGAAGCAG AAGACAATCT GCTACGAGTA CAATCGAAGA AAGAAGAAGT 60  
 GTATCGTCGA TTA CTGCTT CTA ACTTAAC AAGCGTTCCT GAAAGTTAT CATCATGAAA 120

GTTAAACAGT TAAAAGATAA AGTGTCTAAA ATTGTGATTC AAATGAATAC ATTTGAAGAT 240  
 GAAGCAAATG ATGTTCTTGT TAATGCTGTT TATGCAGAGA AATTAATTCA ATATGGAAAT 300  
 5 AGATATCGTA AGGACTATAG CAATGTTGAT AAGAGCTTAA ATGAAGCTGA ACGATTATTT 360  
 AAAAATAATC GCTATAAGCg TCGGATTGAA ATTGCAGAGC AAGCTCTTGA AAGTGTTGAG 420  
 CCAGGTGTTA CTAAACATAT TGAAGAAGAA GTTATTAAGC AATAGAAACT AGTATGTAGT 480  
 10 TATACTTAAA TAATATGAGC ACTCTGTCAA ATTGGACTGA TGAGTTTAAT AATTGAAGTT 540  
 AGCCAACGAT ACGTTGTCTA GCTTCTTTTT TATATGGATA AATGaAAGGG ACAATAAATA 600  
 TAAATAGCAA TTGTTTAAAG ATAAACGTAA TCAAATGTGT TGTTTTAATT AATATAAGTA 660  
 15 GTGAAAAAAG CATAATCACA CAGCTGTTTA AATAGAGTGA AATAGTCTAA TTCTTATTTA 720  
 ATAAGTAGAA ATAAGATTAT 740

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 403:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 630 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 403:

30 ATGCCAATAA TTAAACCATG TAATAAATAT ACGTATAGCG TACGACTACC AATATAAGTA 60  
 TATAATTTTT TCTTTGTTGA CATTAAATTT AGAAACGCAG TCATTGCGAT TAATATAATT 120  
 35 CCATATAATA TAAGTCGTTT AAAAGGACTG AATATACTCT GTCCTTCATT TTCAAGTGAA 180  
 GTATATGGTG AACTTCCCAA TAACCAATCT GCATTGATAG GATGAATCAC GTAAACGATA 240  
 AAAAACAAAA TAAAGGTAAT GATAGATACT GGTATTAGTT TTTTATTTTT AAAAATAGCC 300  
 40 GTATGTTTTT TGGTGAAAAT GTAACCTAGA TAAATATTG GGAAAAATAC GATTGTCCTT 360  
 GAAATGCTTA AGTAGCTATC GATGTTATCT GAAAAACCTG CTCCAATAGA TATAATAATT 420  
 GAAACTGATA GCACTTTATA TGGATTAAAT CTTCTAACTA TTACTAAAAT GACATGAAAG 480  
 45 AAAAATAGCG TGATCAAAAA CCATAACGCA AATACTGGGT TAAAAGGATC AAGTTGTAAT 540  
 TCGTCACTTT TACCTGTAA GAAATAATAA ATTGAAAAGA ATGCAAAAAA TATCATATAA 600  
 GGTACTATCA AACGTTTGA AATTTTTTCT 630

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 404:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 6254 base pairs



(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 404:

	ATTTAAACGT TCAGTTTCTA AAAGTGAAC AATCCAAGAA GTACGTAAAC GTGAATTTTA	60
10	CGAAAAACCA AGCGTAAAC GTAAAAAGAA ATCAGAAGCT GCACGTAAAC GTAAATTCAA	120
	ATAATTAATA CCTCTGTTGA CTCCCTCAAC ACGAATATTA ATTATATAAA ACAAACATCA	180
	CAAGTTAGTG TCTGACACTA ATATGTGATG TTTTTTGTG GTCAATTTTT AATTAAAAAA	240
15	AGTTATATAG TTTATAAATA ATCAAATTGA TATTCTATAG GTTCTTATAA CTATAAAGTA	300
	TATTCAATTT CATGTATAAT TAATGTGAGG GCGAGGTGAA ATTGTGAGTT ATAATAATTT	360
	TTTACAAATG ACAACTATCT TGGAATCAAC GGCTGGAGAT ACTTGGGTTG AACAAAGTTAG	420
20	CAATATAATT GTTCAACCTA TTTTACGTT AATATTAACC TGTTTGACAT TCTTAGGATT	480
	TGTATATCAA CTTTACTCTA AAAAAATCAA TGCAGCTGGT ATTATCGCCA CATTATCATT	540
	ACTTATTTTA TTTTGGGAT TTCTAATCCA AGGAAATGTC AATATGCATT CTATCTTAAT	600
25	ATTCTCAATT GCGGTTATAT TAGTTGTAAT TGAATTATTT GTAGTTGGTG CAGTAATTGG	660
	TATTATTGGC ATGATACTGA TAACTATAAG CATAACAACG CTCGGTGATA ATTTGCTATT	720
30	TATGCTTGCG AATGTTATCG TTGCCTTGAT TTTAACGATT GTAGAATGGG TGATATTAGT	780
	GAAGATTTTC AACAGAAAGA TTCCGTTTTT GGATAAAGTT ATCTTAAAG ATTCAACTAA	840
	TTCTGAGTCA GGTTACAATT CTCATGATAA CCGCTCGCAC CTCGTAGGAA AGACTGCTCA	900
35	AACAGTTACA GATCTTCGAC CTGCAGGGAT TATTTTTTGT GAAAATGAAC GTATTGATGC	960
	TGTTTCAGAT GGCAACTTTA TTTTGCGCAA TAAACGGTA AAAATCCTTG AAGTTGAAGG	1020
	AACAAGAGTA GTTGTGAGGG AAGTAGATTA ATTAAAAGGA GCGATACCAT GTTTAGTTTA	1080
40	AGTTTTATCG TAATAGCAGT TATTATAGTA GTTGCATTAC TTATTTTATT CTCATTGTA	1140
	CCCATTGGTT TATGGATTTT AGCGTTAgcA GCTGGCGTTC ATGTTGGTAT AGGTACATTG	1200
45	GTGGTATGC GTTTACGTCG TGTATCTCCA AGAAAAGTTA TAGCGCCATT AATTAAAGCG	1260
	CACAAAGCAG GACTAGCATT AACACAAAC CAATTAGAAT CGCATTATCT AGCAGGAGGA	1320
	AATGTTGACA GAGTTGTTGA CGCTAATATT GCTGCACAAC GTgCTGACAT TGATCTTCCT	1380
50	TTCGAACGTG CTGCTGCAAT TGaCCTTGCA GGACGTGACG TATTAGAAGC GGTTCAAATG	1440
	TCTGTTAATC CTAAAGTCAT TGAAACACCA TTTATCGCAG GTGTAGCAAT GaACGGTATT	1500
	GAAGTGAAAG CCAAAGCTCG TATCACAGTT AGAGCTAATA TTGCTCGACT TGTTGGTGGT	1560

55

	AGTAAGCATC ATACAGAAGT ACTTGAAAAC CCAGATAATA TTTCTAAAAC AGTTTTTAAGC	1680
	AAAGGTTTAG ATTCAGGTAC TGCATTTGAA ATTTTATCAA TTGATATTGC TGACGTTGAT	1740
5	ATTAGTAAAA ATATTGGTGC AGACTTACaA ACTGAACAAG CATTAGCAGA CAAAAATATT	1800
	GCACAAGCAA AAGCTGAAGA ACGTAGAGCT ATGGCTGTAG CAACTGAGCA AGAAATGAAA	1860
10	GCGCGTGTAC AAGAAATGCA TGCTAAAGTA GTTGAAGCCG AATCTGAAGT ACCATTAGCT	1920
	ATGGCTGAAG CATTACGTTT AGGTAATATC AGTGTTAAAG ATTATTATAA TTTGAAAAAT	1980
	ATCGAAGCTG ATACAGGCAT GAGAAATGCA ATTAATAAAC GAACTGATCA AAGTGATGAT	2040
15	GAGTCACCTG AACATTAAGT CGAGAGGTGA TTAAATGAGT GTCGGTATTC TAATTTTTGT	2100
	CATATCAGTG ATCATTCTTA TCATTACTAC TATGCGCGAA AATAGTCATA AAGATAGACA	2160
	AAATCAAAAG CCACCTCAAA AAACATCTAC CGATAATGAA CCAAAAAAAG GTGGCTTTTT	2220
20	TGAAGAAATT GAGCGAACGT TTAAAGAAAT AAGTGAAGAA TTAAATGAAG AAGAAAAGAA	2280
	ATCATCGAAA CGAAAATATG ATGATACGTT ACCACCTTTA TTCGATGAAC TTCCAAAGGA	2340
	AGAGCCTAAA TCGAAACCTG TTGTAGAACC TATGGCACCT AAAAAACAAC AAGAAACAAA	2400
25	ACCGATGACA GAGAAACCAA TCACAGTGCC TAAAGCAGAA CCGGTGGAGC AGAAACATAG	2460
	ACCTTCTAGA CAAGATAATT CTGACGAAAT TAGACGTCAA TTAGAAAAAT CACTTAGAGA	2520
	TGATATTAAA ACGATTGTA CTGACATTGA TAGAGAAAAA GAAAAGCAAA TTGCTAAAAT	2580
30	GGAAAAACGT GCTAGAGATA TTATTGAGGA TAAATACTTA TCTGAACGTA CAAAACGTTT	2640
	GAAATTAAAG CAGCTGCTTA ATTCTCAAAA TGTCGAAAAA GATTTGACTA AATCAGCGTT	2700
35	CCAATTTGAT AAAGATGAAG TAATCAATGG TATGATATGG TCAGAAATTT TAGCTAAACC	2760
	AAAACAATTA TAAAATTTTT TGAAAACAAG CACTATCGTA ATGGTAGTTG CTTGTTTTTT	2820
	TACGTTAAGG AAAATTAAAA AACAAAGAGA ATTTTTCGAG AAATATTAGT TATTTAAATT	2880
40	ACAGCAAAAA ATTGATTAGT CTAAAATTGA ATCTGCTTTT ATGACAAGGT GAAAAGTATA	2940
	AATGATTATT TTAAATTAAA GAAAAATGAG TAAGTCAATG CAAAGATGTT TAAATCAATC	3000
	AATTGCATGA TATAATTAAG TAGATATTAA AGCATCATAG AATGAATATA AATGATATAT	3060
45	GAAAAGGAGC GCGTGTATGC CTGGAATTAT ACAAATAGAC GATATGAACC AATCTCAAGC	3120
	TTTAATTGGA AATAATGATG AACATTTAAA AGCAATTGAA GAGAGTTTCG ATGTTGTCAT	3180
	CCATGCAAGA GGACAAGaAG TTGCCGTTAA AGGTACAAAA ATAGAAAACG TAGAAAAAGC	3240
50	GGAATCAGTA TTAATCAATT TGCTGAAGGT TATTGATTTA GGTAATAATA TTACAATTAA	3300
	AGATGTTGAA GCAGCTATTA AAATGGCGCA TAATAACACA ATTCAACATC TGTTAGATTT	3360

55

	GCAACGTATA TATGTTAATG CCATGAAAAA TAATGATTTA GTATTTGGTA TAGGTCCTGC	3480
	TGGTACAGGT AAGACATTCT TAGCTGTAGT TTATGCAGCA AAGCAACTCC GTAAAGGTGC	3540
5	TGTTAAACGT ATTGTATTAA CAAGACCTGC TGTTGAAGCA GGAGAGTCAC TTGGATTTTT	3600
	ACCAGGAGAT TTGAAAGAAA AGGTAGATCC ATATTTAAGA CCTTTATATG ATGGTCTATA	3660
10	TACTGTTCTT GGGCGTGAAC AAACAGAGCG ATTTATTGAA AGAGGCATTA TCGAAATAGC	3720
	GCCACTTGCA TATATGCGCG GACGAACATT AGAAGATGCA TTTGTAATTC TTGATGAGGC	3780
	GCAGAATACG ACACATGCGC AAATGAAAAT GTTTTTAACA AGACTAGGTT TTGGCTCAA	3840
15	AATGGTAGTT ACTGGTGACC AAACCTCAAT CGATTTACCT AAAGGTGTTA AAAGTGACT	3900
	TAAGGAAGCG GTCAGTAGGT TACACAACGT TAAAGGTATA AGTATATTGA AATTAGATCA	3960
	GAGCGATGTA GTCAGACATC CATTGGTAAG TAAGATCATT GAACATTATG AAGGAGAGAA	4020
20	TTAAATGTTT ACGATAGATT TTAGCGATCA CACAGGCTTA GTTAAAGATG CTTGGTATAA	4080
	ACAAATTGAA GATTTATTAG AATTGCTAA AAAAGAAGAG CATATAGAAG ACGATGCTGA	4140
	GCTTTCTGTT ACATTTGTAG ATAAACAAGA AATACAAGAA ATTAATCGAA CATATAGAGA	4200
25	TAArGwTAAr GTTmCaGATG tAaTCyCaTT tGCTTTAGrA GrAGATGAGC CmGaGATkGA	4260
	TtTTAGTGGT CTTGATATAC CACGTGTTTT AGGGGATATA ATTATCTGtA CGGATGTAGC	4320
	GCAAGrACAA GCAAACAATT ACGGACATTC TTTTGAACGA GAATTAGGAT TTTTAGCATT	4380
30	ACATGGATTT TTGCATCTAT TAGGTTATGA TCATATGACT GAAGCGGATG AAAAGGAAAT	4440
	GTTTGGTCGA CAAGATACAA TATTAAACGC ATATGGATTA ACACGAGACT AATTATGAAA	4500
35	AGGTTTAAAT ATGCACTTGA TGGGCTGAAA ATCTTAATTC AAAAAGACTA TAAATTTCTT	4560
	TTACATGTGT TTGCAATGAT TGTTGCTATT GTCTTTGGTC TCGTACTAAA TATTAATCGG	4620
	ATTGAGTGGA TATTTATACT CATTGCTATT GCATTAGTTC TCACTGTTGA AGCTTTAAAC	4680
40	ACTGCTATTG AATATGTTGT CGATTTAGTG ACCGTTGAAT ATCATGATTT AGCTAAATAC	4740
	GCTAAAGATA TTGCGGCTTT TAGTGTACTT ATAGTTTCAA TATTAGCATT TATTATAGGT	4800
	TTAATAGTAT TTTTACCACA TTTTATAGCG TTATTTTAGG GAGGCATATA TGAGTTATCA	4860
45	ACCTCATTAT TTTCAAGAAG TTAGAAAAGC ACAACAAGAA TCATATTCGC CATAAGTCA	4920
	ATTTAAAGTA GGGGCTTATT TAAAAmCGAA AGACgGTAGA ACTTTTTATG GTACCAATGT	4980
50	AGAAAATGCT TCTTATCCAT TATCGATATG TGCTGAACGA GCTAGTTTGG TATCGGCAAT	5040
	TTCTCAAGGA TACAGACCAG GTGATTTTGA ATCAAtAACT GTAACCGTAG ATGCAGATAA	5100
55	ACCGTCATCA CCTTGTGGTG CATGTCGTCA AGTTTTGAAG GAATTATGTG ATGATGATAT	5160

ACCATTTGGA TTTTCAGGAA AGGATTTAGA ATAAATGACA GAACATAAAT CAGGATTTGT 5280  
 TTCAATTATA GGTAGACCAA ATGTAGGAAA GTCAACATTT GTTAATAGAG TGATCGGCCA 5340  
 5 TAAAATAGCA ATCATGTCCG ATAAAGCTCA AACAACTAGA AATAAAATTC AAGGTGTTAT 5400  
 GACAAGAGAT GACGCGCAAA TTATATTCAT TGATACGCCA GGTATTCATA AACCTAAACA 5460  
 CAAATTAGGT GACTATATGA TGAAAGTCGC TAAAAATACA TTATCTGAGA TAGATGCAAT 5520  
 10 CATGTTTATG GTTAATGCCA ATGAGGAmAT TGGACGAGGC GATGAATATA TTATAGAAAT 5580  
 GTTGAAAAAT GTTAAGACAC CAGTATTTTT AGTATTAAAT AAAATAGATT TAGTGCATCC 5640  
 AGATGAATTA ATGCCAAAGA TTGAAGAATA TCAAAGTTAT ATGGACTTTA CAGAGATTGT 5700  
 15 ACCTATTTCA GCATTAGAAG GGCTAAATGT CGATCATTTT ATTGATGTTT TAAAGACGTA 5760  
 TTTACCCGAA GnACCTAAAT ATTATCCAGA TGATCAAATT TCAGACCATC CTGAACAATT 5820  
 TGTAGTGGGT GAAATCATTG GTGAAAAAAT CCTTCATCTT ACAAGTGAAG AAATCCCTCA 5880  
 TGCGATTGGT GTTAATGTGG ACCGTATGGT TAAAGAAAGC GAAGATCGTG TTCATATCGA 5940  
 AGCAACTATA TATGTTGAAA GAsGTTTCGCA AAAAGGAATT GTCATTGGAA AAGGCGGTAA 6000  
 25 AAAGTTAAAA GAAGTAGGaA AAcGTGCGAG ACGTGAlATA GaAATGctTC TAGGCTCTAA 6060  
 AGTTTACTTA GAATTATGGG TCAAAGTTCA AAGAGACTGG CGAAACAAAG TTAACTTTAT 6120  
 TCGCCAAATT GGTATGTTG AAGACCAAGA TTAATCTTAA AAGTGGTGAA GATAATTGTT 6180  
 30 AATGCGCCAA AAAGGGATTA TCATCAAAGC AGTTGATTAT GGTGAATCTG ATAAAATTAT 6240  
 CACGATTTTA AATG 6254

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 405:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 3710 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 405:

45 GTTGTCTCTAA ATGTTTCTTG nATGAAACGA GTCAATGTAA ACTGATATTG CTGTATTTGT 60  
 TGCAGCAATT CATATTGGTC TGGTGTGCA ATAACAGCAG CTTGAGTTGG AGTCGCAGCT 120  
 CTGATGTCTG CAGCAAAATC ACTTAATGTA AAGTCTGTTT CATGACCAAC TGCTGATATA 180  
 50 ATCGGTGTCT TACAATTATA TATTGCACGG ACGACAGCTT CTTGTTGAA ATTCCATAAA 240  
 TCTTCTATGG ATCCACCGCC TCGACCTACA ATAATGGTAT CTACACCTAA ACTATCTGCA 300

	TGTATTTGTT CAGCTAATGG AAAACGACTA TTTATCGTTG AATGGATATC TCGAATTGCG	420
	GCACCTGTAC TCGCTGTAA AACTGCAATT TTTTAGGAA ACTTAGGTAT TGATTCTTA	480
5	TTCGCTTTAT CAAAACAACC TTCTTCAGTT AATTTTTTCT TTAATGCTTC TAATTTTGA	540
	TATAAGTTCC CTATACCATC TAATTGCATT TTATTTACAT AAATTTGATA GTTCCACGA	600
	CGTTCAAAA CAGAAACACG TGCTTCTAAT AAGACTTCAT CTCCTTCTTT AGGTTCGAAG	660
10	TTTAATTTAG AAGCACTACC TTTGAACATC ATGGCACTTA TAACGCTTTC TTTATCTTTC	720
	ACATTAAAGT ATAAATGACC ACTTGaATGc TTTTGGAAAT TTGAAAGCTC ACCTTTAATC	780
15	AATACAGATT GGAGATGTGG ATCTTGATCA AATTTATATT TAATATATTT CGTTAAAGCT	840
	GAAACACTTA AATAATCTGA CATATAACAT CACTCAATTT TATTTTTTTA TATTACTCAA	900
	TACACCATTT ATAAATTTAT AATGATCATC ATCACTGAAT TGTTTTGTGA ATTCAACTGC	960
20	TTCATTCATT ACGACTTTAG CAGGTGTATC ACTGTGTAAT ATTCATATG TTGCCATTCT	1020
	TAAAATAATA CGATCCGTTT TTAATAAACG TGCAATAGTC CAATCTTTTA AATAAGGACT	1080
	AATTGTCTCG TCTAATACAG GTTCGTGATC TTTAACGCCA GAACTAGCC AATGAATAAA	1140
25	TTCGAAGTCT AAATCTGGAT TATCGTCTTT AATAAGCTT ATCGCTTCAT TTATCGTTAA	1200
	ATCACTGTCC TTCATTTCTA ATTGAAATAA AGTTTGAAAA GCTTGCACTC GGGATTCTTT	1260
	ACGACTCATT TTTAACTCCT TCAAACGTTT GTATTTTCT TTTTAAATT ACTGAATTAG	1320
30	GTATGACATT ACTTTTCAAT AACGATTTGT GTAATGTGAA TATTAATTTG CTTAGGTTCT	1380
	ATCGCTGTCA TATTAGAAAT TGAATTAAAA ATTGACGTTT GAATTTTGTT TGCAGTTTTT	1440
35	GAAATATTAA CACCATGTTT TAATGCACAA TATACATCTA TATATATGCC ATCTTCTTTA	1500
	CTCTCGATTT TTAAATCACG GCTTAAATTT TTACGACTAA CTTTTTCTAA ATTTGTTTCT	1560
	TTTAATTCAG CAAAATGGCC AGTGATGCCT TCGACTTCCG AAGTAGCTAT ACTTGCAATA	1620
40	ACAGATAGCA CTTCTGGCGC TATTTCTACT TTACCTAATT TTGAATTTGA ATAATCAGTT	1680
	ACTTTGACCA TGGATTGACC TCCTATTAAC CTTTCATCATT CATAATGCTA TTTTGCTCTA	1740
	AAAAGTTTGT ATTAAATTTA CCGCTTCTAA ATATATCGTT ATTCAATAAT TTAATATGGA	1800
45	ATGGAATAGT TGTATCAATA CCAAGAACCA CAAATTCCT TAGTGCACGA ATGCCAGCCA	1860
	TAATCGCTTC ATCTCGTGTC GGTTTCATGTA TGATTAATTT CGCTACCATC GAATCATAAT	1920
50	ATGGCGGTAT CGTATAATTA GTATAACATG CTGACTCTAT TCGAACACCA TATCCACCTG	1980
	GTGCAAGATA TTGCTCmATT TTACCTGGTG ATGGCATAAA GTTCTTGTA GGATTTTCAG	2040
	CATTAATTCT AAATTCAATT GCGTGTCTG TTAATTTAAT ATCTTCTTGT TTATACGGTA	2100

55



CAGTTACAGG ATGTTCTACT TGAATACGTG TATTCATTTT CATAAAATAA AATTTATTAT 2220  
 CATTTAAATC ATATATAAAC TCAATTGTTC CCGCATTTTC ATAATTTACA GCTTTCGCTG 2280  
 5 CACGAACTGC GGCATTTCCC ATTTCACGAC GTGTTTCATC ATCTAAAATT GGGGAAGGTG 2340  
 CTTCTTCCAC TAATTTCTGC ATACGTCTTT GAATTGTACA ATCACGTTCT CCTAAATGAA 2400  
 TTACATTACC ATAGCTGTCC CCAACAATTT GGATTTCAT ATGGCGGAAG TTTTCGATGA 2460  
 10 ATTTCTCCAT ATAAAGTCCA CCATTACCAA ATGCAGTTTG AGCTTCTTGT TCTGTCATTC 2520  
 GGAAGCCAGT TTCAAGTTCT TTTTCATCAC GAGCAACACG GATACCTTTT CCGCCACCGC 2580  
 CAGCAGTAGC TTTAATGATG ACCGGATAGC CAATTTTTTT GCGGATTTTC TTAGCTTCTG 2640  
 15 AGACGTCTTT CATTAAACCG TCACTACCAG GAACAACCTG AACATTGGCT TTGATCATT 2700  
 CTGCCTTAGC AACATCTTTG ATACCCATTT TTTGGATAGA TTGATAACTT GGTCCAATGA 2760  
 20 ACTTCAATTG GcATgctTCG CATAATTCTG CAAAATCAGC ATTTTCAGCT AAAAAGCCAT 2820  
 AACCCGGATG AACGCCATCA CAACCTGTAG AAGTTGCAAT AGATAAGATG TTCGGAATAT 2880  
 TTAAATATGA ATCTTTAGAC AAAGTGGGAC CTACGCAATA TGCTTCATCA GCAATTTGAG 2940  
 25 TATGTAGCGC ATCTTTATCC CCTTCAGAAT AGATTGCAAC AGTTTGGATG CCTAAATCAC 3000  
 GACAAGCGCG AATAATCCTA ACTGCGATTT CACCGCGGTT TGCAATTAAA ACCTTTTTCA 3060  
 TTATTTACC TTAAATAACG GTTGGCCATA CTCTACCATT TGTCCGTCTT CTACTAAGAT 3120  
 30 TTCAACAATT TCACCTGAAA TTTCTGCTTG AATTTCAATTA AATAGTTTCA TTGCCTCTAA 3180  
 AATACACACT GTTGTTCAT TTGAAACAGT GTCCCCAACT TGCACATATG CTTCTTCGTC 3240  
 TGGAGATGGC GATTTGTAAA ATGTACCTAC CATAGGTGCA TTAATTGTTT TGTGATTATC 3300  
 35 TGAAGTTGGC TTTGGAGCTT CAGTTTTATT GCTATCAGTT GATTGTGCTT GAGGCATAGG 3360  
 CATTGCCGCA GCTTCAACTG GCATTTGTGA GATTGTGGC GTGATAATCT CAGTTTCTTT 3420  
 40 TTCTTTCTTA AGCGTCACTT TGCCTTTAGT ATCTTCAATA TTGATTTCCG TTAAAGTTGA 3480  
 TTTATCCAGA ATTTCAATTA ATTCTTTGAT TTCTTTAAAG TTCATTATTA CTGACTCCTT 3540  
 CAGTTTGTTT TCATCTACCC GTCTATTTTA CTTGAGACAA CTCTTCAATT CAAGCATGTT 3600  
 45 CATATTGCTG GCGACATTAT AAGTCTATCC CAAAGTTATA ATAAACCAC ATTTTAAATT 3660  
 AAAAACACTT GTGTATTTAT TACTTAACAT TGACTCATCT TAACTCTGA 3710

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 406:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1705 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 406:

5	GCTGATG TTC GTTGCCTTTn TCCACCAGAC AATTCAGAGG GATATTTATC ACTAATATCC	60
	AATATATTTA ATGCTTCTGC TACTTTTTCa TAACGATTTA ACATATG TTC TTTATCTAAC	120
	TTCTGTACCG TTAGTGGTAA CATTATGTTT TCTTTAACAG TCAATGTATG CAGTAAATTA	180
10	TACTCTTGAA AAATAAAACC AATATCATGC TTGCGTATAT CAGATWATTC CTTGTTTGAA	240
	AGCTTTTCTA ATTTTTTTCC TTTTAATGTA ATAGAACCCTT GTGAAATATA ATCAATTGAA	300
	CTTAAACAT TTAATAATGT CGTTTTCCCA GATCCAGAGG GACCCATAAT AGCAATAAAC	360
15	TCGCCTTCTT CAATAGACAT ATTGATATCT CGCAACACTT CTTGTGCCAT TTTTTAGTT	420
	CCATATATTT TTGTAAATTG TTTTACTTCT AAAATTGCCA CTTTAACACT CCTATAATTT	480
	ATCTTAACTT CATTTCCCTT AGGCTTTGGC ACTTGTATCT TCAATTTAAC ATATGACTAA	540
20	CATCTATCTT ATTATAACGT TGAAGCTGCA TTGATGTATC AATTCTAAGT AACAAAACGC	600
	ATGTTTAAAA TGACAAATTT GTCACCTCCG ACATGCGTTC AACAAATTCa TTTTGTAATG	660
25	GGAAAATCAA TCTGACAGTT GTCCCCTTAC CAACAGTCGA CGTGACTTGC AGGTGAATAC	720
	CTAATTGATC CTTTACACTA TTTACTAAAT ATAGACCCAT ACCTGAAGAC GTCGTTTCAT	780
	TTCTGTTAGC CGTTGACGTA AATCCTCGTT CAAATATTCG CGGCATATCT TTTTTACTAA	840
30	TACCTCTGCC ATAGTCTTTA ATATATAACG AAACATGTTG ATCATTTAAT TCTGTCCCAA	900
	TTTCAATATT AAAATTCTCA CTATATTTCA ATGCGTTTGA CAAAAATTTGT CTAATAATCA	960
	TACGACACCA TTTTATATCT GTATAACAT AATCATCCAC TTAAAGTCA ACATCAAAAC	1020
35	CAATACCTTT AACCTGACTA ATATGTCTTG TTAATTGTAT TTCATCAATG ACCATGCGTT	1080
	TAAGTGACAC GTAATCAAAA TACATATCTT TACGTTGAGA TTCTAATCTA GTAATATACA	1140
40	GCTGTGTATC TAGCATCGAG TTTATACGAG ACCATTGATA TAGTAATGCT TGTWTTCTTT	1200
	CTTGATTTTT TTCTTGATCA ATTAATAATT TCATAGCTGT CACAGGEGTT TTTATGTCGT	1260
	GCACAAATTC TGTAATGGTT TGTTGATGCA TGTTCATTTG CAACTGTTGC TCAACAACCT	1320
45	TTTCTTTGTG CGCTGAGATT TGACGATATA AATAATCAAC TGTATGACGT TGAAATGGCG	1380
	TTTCCGCTAA ATCTTTATGT TTAATTTCTT CTATTTCTTT ATCTTTGTCA AAATGCTTAT	1440
	ATAATTTTAC TTCTTTAAAA TATGTCAATA AAAGAAAAAT CATTGTTAAA CTAAATTTCA	1500
50	AAGAAACAAT ATAAAATAAA CTGTCTATTG GAAAATCATA ATCGATTAGA CTArTGCCTA	1560
	ACATAAGGAA GTTTAAAAAC AATATCCAAA AtATCCAGTT CATGCGAGAT TTCAAAAAAT	1620

55

GCACTATCCA TACTAATTTC AGATA

1705

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 407:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1722 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 407:

15	TCAATATATC TTAAAATTCA ATGATTAAAT CnATTATCAC TAGACATnAA ATACATAAAT	60
	CCTATTCCCC ATTTTCATTT nTTAATTCAT AAATGAATCA ATAACCACCT AATAACAAAT	120
	CATATTATAC ACCTTTGTTC TCTATTTTTC TAAGGTTTAA AAAATATTTT TAGGTAAACC	180
20	TAAAAATAGA TGTAATAAAA ACGCCTCCTC AGATATTTAT ATATCTATGA AGACGTTTAA	240
	ATACATTATA GATGGTCTGG TTCTGGGTGA ACGTATACTG AGGAAAtACC TTTTTTGTGC	300
	AAATGATGTT CGACATTGTC ACAAATTGTA TGCGCTTCTA CTAAGGAAAG GTTAGCATCT	360
25	ACAACAATTG TGACATCAAT AAACACACTA CTTCCATGGT AACGCCCTTT AATACTTTTA	420
	ACTTCTTGTA CTTTCATCAAC TTCTAAAATA TCATTGCGAT ACGCTTCTAA TTCAGTTTCA	480
	TTGAAACCAT CACTCAACAT AAAAATTGCT TCTTTAAAAA TACCAAACC AGTATAAACG	540
30	ATTAGTAAGC CTAGTAATGT TGCTAAAATA ATATCGACAA TTGGGAAACC GATTGCGTA	600
	AAAATTAATC CTATCGCTGT TCCAATGCTG ACTAAACTAT CCGATAAATT ATCTTTGGCA	660
35	GCCGAATTTA AAGAACTACT TTTCGTTCTT TTCGCTAGTC TTTGATTGAC TGCAAATACA	720
	ATCAACATTA CAAGACCACT GATTAAGCTG ACGATAATTG TTATTGCGTT AGGTACAACG	780
	TCATCTTCTT TGAACAAACG AGGTGCATTT TGAATAACTA CTTGGATACC TACAAACATA	840
40	ATGACAAATG ACACCAATAA TGAAGAAATA TTTTCAGACT TCAAATGGCC ATAAGGATGA	900
	TTTCGATCGG CAGGTTTAAT TGAAATTTTC AATCCAATAA TAACAGCTAA AGAAACGATA	960
	ATATCTGTCA TATTGTTTAA TGCATCGGCT CTTACAGCTG CAGAGTTAAA GACAAAACCC	1020
45	GTGACATACT TAACAATAGA TAAGATTATA TATACAATTA AACTCAAATA AGCACCGCGT	1080
	TGCGCCAATT TAAGATTTTC ATTATGAGAC ATGCGTTGAA CCACCTTGAA TTAGTATAGT	1140
50	AACAATATTA TGAATGATTC ATTTTAATTT TACAACGTTT TTAATTTTTA TAAATTTTTA	1200
	TAAAATTAAA CTAATTTATT CATTCGCAAC CCCTAAAAAT AATTTTTCAGC CTTTCTGCGA	1260
	ATTTTATGAG CTAGAAAGGC GCCCAACTCT CCCTGTTTGT TAACTTTTCGC CTCGAAAGTT	1320

CGAAWTTAT GAGCTAGAAA GGCTTATGCA GTTGACGTTT TACGTCCAAC TCGGTTCTC 1440  
 CGTCTTCTTC AAATTTATTT GTnAGAAAGG CACCCAAC TCCTGTGTTG TTAAC TTTCG 1500  
 5 CCTCGAAAGT TTCTATGTTA GAACCCTATG CATGAGTTGC GAAnTATCTA ATGTCGTGAA 1560  
 CTAATTATAT AGAAGAAAAA GTGCATCAAT GACAAATTAA ATGAGATTTC TACTCTACCA 1620  
 AACTCTCTTC GAAAGACAAT TTTCTCCTCT ATTTATTAGC AACTATTGCA TTTCTCCATA 1680  
 10 TAGTACTTCC TTACTIONAAAA TACGCTGAAT GTCTGAATTA AA 1722

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 408:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5521 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 408:

GCGAGACCCC CTGAGGGAGC AGTGCCCACT CGAAGACCCG AGGCTGAGAC GGCACCCTAG 60  
 25 GAAAGCGACc ATTyCAATAC GAaTTgTGAt AAATAGAGAA CAGCAGTAAG ATATTTTCTA 120  
 ATTGAAAATT ATCTTACTGC TGTTTTTTTA GGGATTATG TCCCAGCCTG TTTTTTGTGA 180  
 TTTTAAATAA TTTGAATATG GAAAATGTAT TATTCTCTCA TTTGTATAGA TTGTATTTAA 240  
 30 TAAGTTAATG TAATCCTTGA GCTCAGGATT AATAAAATTC TATAACCTTA ATTATTTTCT 300  
 CGATACAAAG GGTTATTAAC TTTAATATAA GTATAATGAT GTGCCTCATC TTCAAGACGC 360  
 35 ATTGTTGTAA CACACTTATA ATCTATAAAT GCGCGAACA TGGTATCTTT AATTTCaTTT 420  
 ATGCGATTCT CATTTACTTG ATTAGATTG TGTGTCGAAA GTACAAGTTG ATCaAAAATG 480  
 TTATCTAGTA CATCACGAAC GATATACCAC ATATGTCTTT CTAAGTTTGA ATCATTGTGAT 540  
 40 GCTTTAGAGA TTGTAAGAAT TAATTCGCCT AAATGGTTTT GAACGGTAGA ATAAAAGGCT 600  
 TTGTAAACA CAGACGTTTT TGAATCAGTA AGAATTCTTG ATTTTTCATG GAAATGAGAT 660  
 GTACTGTATA CCATTTCAAT TAGTTGTGCT TTATCAATTC TTAAACCTTC AAAGTCTCTA 720  
 45 ATATACATCG TGTCCAATAG ACCATCTTTC CGAAATGTTG CAATAGCATT TTGCAAGTGA 780  
 GCCTCTAATG CAATGCCATA TTTAGTAACT AGTGGGATTA CGAGACCAAG CAATGCTTTA 840  
 CTATAAGTTT CAACCCACGA TTTGCGCGAT GATTCAAAAT CAGACAATGA TGCAGCTGAT 900  
 50 TGATAACGTT TAATCAATGT CACGATAGGT GATTCAATGT TAAATGGGTA GGTTGCAACT 960  
 AAGCTTGAAG GAATCAATGG TGTGACTTCT TGTGGAATCA TTTGGTATAT ATTTTTTCTA 1020

	AAAAATGAAT ACCAGCAACT TCATCAATAA TTGTTGATGC ATAGGACTTA AATATGACAT	1140
	CTTTCTCCAA AATATCATTT AAAATACGTG TCATTAGTGG ACCATTGTGC GTCGTTTGTT	1200
5	CTGATAATGT ACGAATCTCA CCTGTAATAT GAACGTTTGT CGACAATTTG ATGTGTGGCG	1260
	ACATAGCTGG GTATTTAGGA ACTAATGTTC TGAAAGATAA ACCAGCATAA TAATCCaACG	1320
	TATGTTTTGC TTCAATGATT AATTCTTTAT CTACTTCTGC TTGATAATCA GAATGTAATA	1380
10	CGTCATCTAA TTGCCATGGA TGAACAATCA TAATGTGATA ATCATTAAAG TTAAACTTTG	1440
	GCGTAAATTC ATTTTCTAAT TGTTTAATTA AGTCCGGAAA TAGTTGATGA ACAGTTGTAT	1500
15	CATAATCTTT AGACAGTGAC ATAGTACGGC TTAATTTACT GTGAATCAGT ACTATTTTCA	1560
	ACTTAATAGG TTGATTGAAT TCTGAAGAAT ATAGGAATGT TTGTAATGCA TTTAAACCTT	1620
	TACGTAATTT AGCCCCAGGA TGTAGCGGAT GACCTTCAAT AACGGCTTGC TCTGAACGCA	1680
20	AGTAACTATC TTCGCTATTT TCGATAATAT TAAATAAAGG TGCAGAATCA TGTTGCATTG	1740
	ACAGTGCTTG ATAGCTAATT GCAAATGTCA TATcAGTcGC ACTGTTTATT AAATCTTGCT	1800
	GAAATTGATC ACTAGCAGCA TTTTMTAAAT CTGGTGCTTC AATTAAAATA CACTCAAGAA	1860
25	TTTCATTTGG ATGGTGTACT CGTGTAATCG TATTTGTAAT GTCATCTTTA ATGTAGAAAG	1920
	GGCCTTCAAC ATCAATTCGA TCAAAGGCGT GTTCTCCAGT GATAGGAGCA TATAATGTTT	1980
	GCTTAGCTTG TGGGAAGTGG ATTTCTAGTA TATGAGTCGT TGAGATATCT AACATAATCA	2040
30	AATCACGACT CAATATTTTC TTAATTTGAG TCGCGCTTT AACTAAGTTT TCGCGATGCA	2100
	TTGATGTGAC CAATCTCTGA GTGACTTTAT CTCTTCCTTG TAAATCATC TCTTTAAAAA	2160
35	TATTAGCCCA ATCGCTATTA TGTTGTTGTA AAAATAAATA TGTTTCTTGT TCTTCTTTGT	2220
	TAAATTTTAA TGTCTGTTCT TTAATAATTA AGTTCAAGTT CATAATTCAC CTCTATGAAA	2280
	TATTTTACAA AAGCAAGATA GATTTGTATA ATCCATATTA ATGATAATGA yTCTTATTAT	2340
40	CAACAGAATG CGGGTGTAAG TTTTATGACA AAATATTTTT TTAGCAGTTC TTTTCTACTA	2400
	TTTCTAGGTA ATTGGATTGG ACAAATAGGG CTAAATTGGT TTGTACTTAC CACTTATCAT	2460
	AACGCAGTTT ATCTGGGGAT TGTCAATTTT TGCAGACTTG TACCAATATT ATTACTAAGT	2520
45	GTGTGGGCAG GGGCAATTGC CGATAAATAT GATAAAGGGC GATTGCTGAG AATTACAATT	2580
	TCATCATCAT TTTTAGTAAC TGCAATTTTA TGTGTGCTCA CGTATAGTTc ACTGCAATTC	2640
	CAATTAGCGT CATTATTATA TATGCGACAT TAAGAGGGAT TTTAAGTGCG GTTGAAACAC	2700
50	CTTTAAGACA AGCAATCTTA CCAGATTTAT CAGATAAAAT ATCTACTACA CAAGCTGTmw	2760
	CATTTCAATC ATTCATCATT AATATTTGTC GTTCAATAGG GCCTGCCATT GCTGGTGTCA	2820

55



## EP 0 786 519 A2

	CAGTTTTATT	ATGCTTACCA	TTACATTTTA	AAGTAACTAA	AATACCTGAA	GaTGCAATCAA	2940
	GaTACATGCC	GTTAAAAGTT	ATTATAGATT	ACTTCAAATT	ACATATGGAA	GGTCGACAAA	3000
5	TATTTATAAC	ATCATTATTG	ATTATGGCGA	CAGGTTTTTC	ATATACGACA	CTTTTACCAG	3060
	TTTTGACAAA	CAAAGTATTT	CCGGGGAAAT	CTGAAATATT	TGGTATCGCT	ATGACGATGT	3120
	GTGCCATTGG	TGGTATTATT	GCAACGCTAG	TTTTACCTAA	AGTACTTAAA	TATATTGGTA	3180
10	TGGTAAATAT	GTATTATTTA	AGTTCATTTT	TATTTGGCAT	TGCTTTGTTA	GGTGTGGTAT	3240
	TTCACAATAT	TGTCATCATG	TTCATTTGTA	TTACATTGAT	TGGGTTATTT	AGTCAATGGG	3300
15	CACGTACGAC	AAATCGCGTT	TATTTTCAAA	ATAATGTTAA	AGATTATGAA	CGTGGTAAAG	3360
	TACTGAGTAT	TaTTATGATG	GgATAGAGGT	ATGaTTCCAT	kGGGAAGTCn	ATTAATGAGT	3420
	ATATGTGCAG	ATGTGTTTGG	CATTGTTAGA	ACTTTTTTCAA	TAATGGGAAT	AAGTACTATA	3480
20	TGCATTACAA	TGGTATTCTA	TTTTATAAAT	AGAAAGTTGA	AGTTAAAGTT	GGAGGAAAGT	3540
	AATCATGGTA	TATCTTGAAT	GGGCAAAGGC	AGATAGAAAT	ATTCAATATC	GTGTAATTAA	3600
	CGCCATTATT	AAAGAACGTA	TTTACCCCGA	GCAAACATTT	ATTTGCAAAA	AAGGATCTTT	3660
25	AATTGAAATT	CAGTATCATA	TGCATGTGTT	GACTATTGAA	GTTGTTAGAA	AAAGTGCATT	3720
	AGAACGCTAT	GAGTTTACAG	GTGATATTAC	TTATTTAAAT	AAAGGTGAAA	CGTCATTAAT	3780
	TATAACTTTA	GAAGGTTTAT	TAGATGTGTT	GAATCATGAC	TTTGATATCC	CTATTTTACA	3840
30	GCGACTACGC	GAAGAGTTAA	TACACAGTCG	AGATAGTTTA	GTTGAAACAT	ATAAGCAAAT	3900
	GTCTCACAGA	CAAACGTTAA	TAAGTCmAAG	TTTTAAATTT	TCAAGGTTAC	CACAAGATAT	3960
35	TAACTTTTTT	TCakGGTtAC	AACATGTAAA	AGATAGTGAT	AAGACAGATG	ATTTAACTTA	4020
	TTCTGAGAGT	TTGGTACCAG	AGGGGCATCC	AACACACCCT	TTAACCAAAA	CGAAATTGCC	4080
	CTTAACTATG	GAAGAAGTAC	GAGCATATGC	ACCTGAGTTT	GAAAAAGAAA	TCCCTTTGCA	4140
40	AATTATGATG	ATTGAAAAAG	ACCATGTTGT	GTGCACAGCT	ATGGATGGTA	ATGATCAATT	4200
	TATTATTGAT	GAAATAATTC	CCGAATACTA	CAATCAGATT	CGTGTGTTTT	TAAAGAGTTT	4260
	AGGTTTGAAA	AGTGAAGACT	ATAGAGCGAT	TTTAGTACAT	CCTTGGCAAT	ATGATCATAC	4320
45	GATAGGGAAA	TATTTTGAAG	CATGGnTTGC	TAAAAAATA	TTAATTCCAA	CGCCGTTTAC	4380
	AATACTTcCA	AAAGCaACTT	aTCatTTaGG	ACGATGTCTT	TAATTGATAA	ACcATACCAT	4440
50	GTTAAgTTGC	CCgTCGATGC	aCAAGCAACA	AGTGCCGTTA	GAACAGTCTC	AACTGTGACT	4500
	ACTGTAGATG	GACCAAAGTT	AAGTTATGCT	TTACAAAACA	TGTTGAATCa	ATATCCaGGA	4560
55	TTTAAAGTTG	CTATGGAACC	GTTCCGGTGAA	TATGCAAATG	TTGATAAAGA	TAGGGCACGT	4620

AGTGCAAGTC TAGTTAATAA AAATCCAATA GATCAAAAAG TTATCGTGGA TAGTTACTTA 4740  
 GAGTGGTTAA ATCAAGGAAT TACTAAAGAA AGTATTACGA CATTATTGA ACCGATACGCT 4800  
 5 CAAGCATTAA TCCCGCCTTT AATTGCTTTT ATTCAAAATT ATGGAATTGC TTTAGAAGCA 4860  
 CACATGCAAA ATACAGTAGT GAACTTGGGG CCACATTTTG ACATTCAATT TTTAGTGAGA 4920  
 GATTTAGGTG GTTCTAGAAT TGATTTAGAA ACATTACAAC ATCGTGTATC AGATATTAAA 4980  
 10 ATTACAAATG ATAGTTTAAT AGCTGATTCT ATAGATGCAG TGATTGCAAA ATTCCAACAT 5040  
 GCTGTTATTC AAAATCAAAT GGCAGAATTA ATCCATCATT TTAATCAGTA TGATTGTGTT 5100  
 GAAGAAACCG AATTATTTAA CATAGTACAG CAAGTAGTAG CGCATGCCAT TAACCCAACA 5160  
 15 CTACCACATG CAAATGAGTT AAAAGATATT TTGTTTGGAC CAACAATTAC TGTCAAAGCG 5220  
 TTGTTAAATA TGAGAATGGA AAATAAAGTA AAGCAATATT TAAATATTGA GTTAGATAAT 5280  
 20 CCGATAAAAA AAGAGGTGTA GTACTACATG GCACACGTTA ACATAAATAT ATCGAAGATT 5340  
 AAATATAACG CCAAAGTACT TCAAACAGTT TTTCAAAGTA AAAATATGCA ATTCACACCA 5400  
 GTAATTAAGT GCATAGCTGG TGACCGTACA ATTGTAGAAA GCTTAAAAGC GTTAGGTATC 5460  
 25 AATCATGTTG CAGAATCCAG ATTGGATAAC ATAATTAGTA TTGCAGATAC AGGATTTAAC 5520  
 A 5521

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 409:

30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1261 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 35 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 409:

40 AGGTCGTCTr GCaGmAGmGm TATTTGACGA TCTTGCTTTC CAAAACACG ATGATGATTT 60  
 TAACATACTG TCTGATTATA TTGAGACACA TGGTGATTTT aCATTGCCAA TGTCTGTATT 120  
 TGATGATTTA TATGAAGAAT ATACGGAATG GCTAAAATTT TAATATAATT TTTAATAATA 180  
 45 ATAGTTAGAA CCAGGGTGAT GCAATTCGTT ATCCTGGTTT TAATTTAAAA TAAACTAAGT 240  
 TGTGACTAAA AATTAATCAA TTATAGTGAA ATATGGTGCG CTATCTTGCA TAAATTGATA 300  
 TGATTAATA CACAGAATTT AAAAGTACAT AATACATAAT AAGGAAGTGA TACAATGGAT 360  
 50 GATAAGCAAC ACACATCTTC ATCCGATGAT GAACGCGCTG AAATTGCAAC AAGCAATCAA 420  
 GACCAAGAAA CTAATTCATC GAAACGCGTT CACTTAAAAC GTTGGCAATT CATATCAATA 480

55

CAAAAAATAA GTGGTTTAAA CAAACTGAT CAAGCAAAC TAAATAAAAT TGAAAATGTG 600  
 TATAAAATCT TAAATAGTGA TTATTACAAA AACAGGACT CTGACAAGTT AAGTAAAGCT 660  
 5 GCAATTGATG GCATGGTCAA AGAATTAAAA GATCCTTATT CTGAATATTT AACAAAAGAA 720  
 CAAACGAAAT CCTTTAATGA AGGTGTTTCA GGTGATTTTG TAGGTATTGG TGCAGAAATG 780  
 CAAAAGAAAA ATGATCAAAT TATGGTTACT AGTCCTATGA AGGGATCTCC AGCAGAACGT 840  
 10 GCTGGCATTG GTCCTAAAGA TGTCATTACT AAAGTAAATG GAAAATCAAT TAAAGGTAAA 900  
 GCATTAGATG AAGTTGTCAA AGATGTTTCGT GGTAAAGAAA AACTGAAGT CACTTTAACT 960  
 GTTCAACGAG GTAGTGAAGA AAAAGACGTT AAGATTAAAC GTGAAAAAAT TCATGTTAAA 1020  
 15 AGTGTTGAGT ATAAGAAAAA AGGTAAAGTT GGAGTTATTA CTATTAATAA ATTCCaGAAT 1080  
 GATACATCAG GTGAATTGAA AGATGCAGTT CTAAAAGCTC ACAAAGATGG TTTGAAAAAG 1140  
 ATTGTTTTAG ATTTAAGAAA TAATCCAGGT GGACTACTAG ATGAAGCTGT TAAATGGCA 1200  
 20 AATATTTTAA TCGATAAAGG AAAAAGTGT GTTAAACTAG AAAAAAGGTAA AGATACTGAA 1260  
 G 1261

25 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 410:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 2488 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 30 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

35 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 410:

AAATATATTG AAnAGAnAAT TACTAAGATT AAATChTCTT AAAATATCCC TGAAATAACG 60  
 TCCTAAAGAT TAAAGGAAAG AGGTATAAG TTATGCCAAA ATTAATTTTA TGTCGTCATG 120  
 40 GACAAAGCGA GTGGAATGCT AAAAAGTTAT TTACTGGATG GGAAGATGTT AATTTATCTG 180  
 AACAAAGGTAT TAATGAAGCG ACTAGAGCAG GTGAAAAAGT AAGAGAAAAT AACATTGCCA 240  
 TCGATGTAGC TTTTACATCG TTATTAACAC GTGCTTTAGA TACAACGCAT TATATTTTAA 300  
 45 CTGAATCTAA ACAACAATGG ATTCCTGTAT ATAAAAGCTG GCGTTTAAAT GAACGCCACT 360  
 ATGGTGGATT GCAAGGCTTA AATAAAGATG ATGCTAGAAA AGAATTGGA GAAGAACAAG 420  
 TACATATTTG GCGTCGTTCT TATGATGTGA AACCACCTGC TGAAACCGAA GAACAACGTG 480  
 50 AAGCTTACTT AGCTGATCGT CGATATAATC ATTTAGATAA ACGTATGATG CCTTATTCTG 540  
 AAAGTCTGAA AGATACTTTA GTTCGAGTGA TACCATTTTG GACAGATCAT ATTCACAAT 600

55

	TTAAATATCT TGAAGATGTG TCAGATGAAG ATATCATTAA TTATGAAATT AAAACAGGTG	720
	CACCGCTTGT TTATGAATTA ACGGATGATT TAGAAGTTAT AGATAAATAC TACTTATAAA	780
5	AaAAGAGCTG CATGTACACA AGGAGTGAGT GTATATGcAG CTCTTAAAtA TGTGAAGTAA	840
	TGTAAGGAAA TAGTTAAGTA TAGAGTTTAT ATTAACGAGC TAGGGATACT CGAAAATATA	900
	GTTAGACATA CAATATAGTC AAATTAAAAC AATTATTTTCG CTCTTTTATG TTGCTTAATA	960
10	ATCTTTAAAG CACGCTTTCT TGTTTTAAATG TTAGGGCTAT TTAAATTACG ACGAGCAGTC	1020
	TGTAAATCTA ATTTCACTCT TATCCCTCCT TGTAATATA TTATGACCGA TAACTACTCA	1080
15	TATGTAAATA GTAATGATTA CGTTTTAAAG AAATTGTAAT AAAGTCGTGC TAATTTTTTTG	1140
	GAAAATGGGT ATAATTACCG GATATCTAAA AATGTGTGTC GTTTTTTAGA TGGTGAGGGG	1200
	GAAGCTTTAA ATGTCGAAGA AACAAAAATT AACGATGATT ATTACTATGC TGATGGGTGG	1260
20	ATTTTTTGGA TTATTAAATG AAACACTATT AGTGACGGCT TTACCAAGTA TTATGAAAGA	1320
	TTTTGAAATT TCATATACAC AAGTTCAATG GCTGACAACA GCTTTTTTAT TGACTAATGG	1380
	GATTGTTATT CCTTTGTCCG CGCTTGTTAT ACAACGTTAT ACAACAAGAC AAGTGTTTTT	1440
25	AGTGGGTATT TCTATCTTTT TCTTAGGTAC ATTACTCGGC GGCTTGAGTC CGCACTTTGC	1500
	AACATTATTA GTTGCTAGAA TTATTCAGGC GTTAGGCGCA GGTATTATGA TGCCATTGAT	1560
	GATGACAACG ATTTTGGATG TTTTCCAACC ACATGAACGC GGTAAATATA TGGGGATATT	1620
30	TGGTTTGGA ATTGGTTTAG CACCAGCTAT TGGACCTACT CTTTCAGGTT ACCTTGTTGA	1680
	ATATTTTAAC TGGAGATCGC TTTTCCATGT TGTCGCTCCA ATTGCAGCTG TGACATTTTT	1740
35	AATTGGaTTT AAAAcGATAA AAAATGTTGG AACTACAATT AAaGTACCTA TTGATTTTTAT	1800
	TTCTGTCATT TTTTCTGTAC TAGGTTTCGG cGGGTATTG tATGGAACGA GTTCaATTTc	1860
	AGAAAAAGGT TTTGATAATC CTACGtATTA GTATCTATGA TTGGAGGCGT TGTTTTAGTC	1920
40	GCATTATTTG TAwTACGTCA ATATCGGCTA TCAACACCAT TATTaAATTT TGCTGTATTT	1980
	AAAAATAAAC AATTACAGT TGGTATCATT ATTATGGGTG TCaCAATGGT ATCGATGATT	2040
	GGTTCGAAA CGATTTTACC TATCTTTGTG CAAAATTTAT TGCATCGTTC AGCTTTAGAT	2100
45	TCTGGATTAA CTTTATTACC AGGAGCAATT GTTATGGCAT TTATGTCGAT GACTTCGGGT	2160
	GCTTTATATG AAAAGTTTGG TCCTAGAAAT CTTGCTTTAG TAGGTATGGC GATTGTTGTT	2220
	ATTACTACGG CTTATTTTGT TGTAATGGAT GAACAAACAT CAACAATCAT GTTGGCAACA	2280
50	GTTTATGCGA TTCGAATGCT TGGTATCGCG TTAGGATTAA TTCCAGTAAT GACCCATACG	2340
	ATGAATCAAT TAAAGCCAGA AATGAATGCA CATGGTTCAT CTATGACAAA CACAGTACAA	2400

55

AACTTTTCTC CAACTATGTC AGACTATA

2488

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 411:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1105 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 411:

15	TTTTACAATT TCAGATATCT CTAAACACA TACCGATCCA ATGGCCAAAA TTATTCGTCA	60
	AAAATTGAAA AAAC TAGGAA TTCGTAAAGG GATTCCAGTT GTATTTTCAG ATGAAAGTCC	120
	AATTGTCATA AGAGAAGATG TAAAGATAT AGTTGGAGAT AAAAATGCTA TCAATCGAAA	180
20	AGGACAAATG CCACCTTCTT CAAATGCCTT TGTGCCAAGT GTTGTGGAT TAATTTGTGC	240
	AAGTTATGTG GTGAATGACG TATTAAAGA TATTCCAGTT CGTCGCATTA AAGACAAAGG	300
	GCAATAATTC ATTTTGAAAG GGATAATTTT CAACGTAAGG CAAGTGTAAC CACACCATAA	360
25	AACTAAACT GACTAGTTCG CAAGCATAGT AGAATATGCC TCGTGTACTA GTCAGTTTGT	420
	ATTTGATTAT AGCTAAAATA TCAAAGGTAA TCGATTTAAT CTTATTTTTA CGGCCTTTGT	480
	TTAAGTAAGT TGTTATATAT TTCTTTGAGT TGTGTTCAC TTTTAGATGT CGTTTTTGGT	540
30	TCGTAATAAA TTTTGT TTTT TAGTTTATCA GGTAATATT GCTGTGAAAC ATAGCCATTA	600
	ACATATTGGT GTGGATATTT GTAACCAATA GATCGGCCTA GATCTTTAGC ACCTTGATAA	660
	TGTCCATCTT TTAAATGGTT TGGAATTTGG CCCACATGAC CGTTTCTAAT ATCGGACAAT	720
35	GCACTATCAA TGGCACTCAT TGCTGAATTT GACTTAGGTG ATAAGCATAG TTCGATTACT	780
	GCTTGGCTTA GTGGAATTCT AGCTTCTGGT AAACCTAGAC GTTCTGCTGA TTCAATAGCA	840
40	GCAAGTGTTT TCTGACCAGC ATTAGGTGAG GCTAAGCCTA TATCCTCATA GCTAATTACA	900
	AGTAATCGTC GAACTATTGT AGGTAAATCT CCAGCTTCAA TTAATCGTGC TAAATAATGT	960
	AAAGCGGCAT TGACGTCGCT ACCACGGATA GATTTTGGGA AAGCGCTCAT AACATCGTAA	1020
45	TGCATGTCAC CATCCTTGTC ACTTACAAAT GCACCTTTTT GTAAACAGTC TTTAGCATCT	1080
	TGCAATGTAA CATGTCGATA ACCGT	1105

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 412:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 579 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double



## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 412:

5 TAACGTCGAA CTTGAGCTGT TACGTTATGA CTCATAATTA TTTTAGCATA GTCATTTAAA 60  
 TAAACTTCTG TTCTGTCTGT TGGATAAGCA AATTCAAGCA ATTGACTGTA ACTATCATT 120  
 ATGACTTCTT GATCAACATG ACTATCAAAA TATACAGCAT AATAATAAGT ACCATCAACC 180  
 10 ATATATAACA AATCTTCAA CTCTGTAGTT ATTGGATTGC TATGATATGC ATAATTAATA 240  
 ACATCTTCTA AATCGTTAAA TTTCACAATG ATTGTTCTTG TATTTTTACG TGCTGAAGAC 300  
 TTTTGACGTT TAGAACCTTG AGCTTCTTTT TCTTTTGTTT GTTGCTCGAA TAATTCTTCT 360  
 15 AATTGATCTT CACCTTCTAA TGTTTGAGCT AACAATTCTT GAACTTGTTT ATCAAATkGA 420  
 TCAGTTGCAT CATCATCAGA CATATTCATC ATATCTTCAT TTTTAGATTT AGAAATTGTG 480  
 ACTTCGACAC CTTTTTCAA GGCATGTACT TGAATCCATA ATGGACCTnc TACAACAAAA 540  
 20 TCTTCTACTT CGTTAATTTT ATCCATCATT GAnCAAAAG 579

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 413:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

25 (A) LENGTH: 1342 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 413:

30 GTGGTGAAAC TTCTTGCTTT GTAATTTTAT AAAGTGGATC AATATCACTC TGAATTACAT 60  
 35 CAGGTTGAAC TGTCATCTTT TTAGTTACTT TGTTTTCAAG CGTAATATTT GCTAATTcTA 120  
 GGTTTTACAG AATAATGAAT GTCATCAGCT AmCCCTTTmm CttGATACTy CTCTTGATAT 180  
 TTTCCAGCTT TAGCATTTGA TAAATCAATC ACTACTCTTA AATCTTCTGG ATTTTCAATT 240  
 40 TTTATTATCT TTGATTGTGG TCCTGAAATA GTCACATTAA CTGTTTCAGG CGCTTTTGTT 300  
 AAATGCAAAT CTTTAGTGTT ATAAAGAATT TCAACGGGTA CATCTTGAAT CGTTTTACTA 360  
 GACTTTTGAC CAAGATTACC AGTGTTAAAG ATATTTCCAA AACATTGTT AACAGATAAA 420  
 45 AAGAAAAACA ATGCCAAAAG AAAGGCAATA AATCTCAAGC CCCATTTACT TTCTAGCATA 480  
 TTATTTCACA CCTTTCTTTT GAAAGCGTGT GCCAAACCAA TGTTCAAGCA GCAACTCTTC 540  
 AAAAATTTG TTTGAAATGT CTCGTCGTAA TTTTCCATCA AATGTTACCG AAATATCACC 600  
 50 AGTTTCTTCA GATACAATAA CGGTAAATGC ATCAGATACT TCTGAAATAC CAACCGCAGC 660

55

	TGCTGCTGCT GCAATCTTCG TGCCTTGAAT AATCATTGCA CCATCATGTA AAGGTGTGTT	780
	AGGTATAAAG ACATTAATTA AAAGTTCTTG CGAAATATTT GAATCCATTG CAATACCTGT	840
5	TTCAATATAA TCTTGAAGAC CTGTTTCTTT TTCAAAGACA ATTAATGCAC CTATACGTCT	900
	TTTAGCCATA TATTGCACAG CCTTTGAAAC CGATTGAATC AATTTCTCTT CATCTTTACT	960
	ATACGTATTA GAAGTATAGC GTTTTAAAAA GCTACCTCTA CCAAGTTGTT CTAACGCACG	1020
10	TCTAATTTCT GGTGGAATA TTACTATTAA AGCTAATACC CCCCATTGAA TAACGATATC	1080
	GAATAATTTA GATGTTGCAG TCAAGTTCAA TATCATACTT ATCTGCTGAC CAATAACAAT	1140
	TACTAATATC CCTTTAAGTA ATTGTATCGC TTTAGTTCCC TTAAAGACCG TGATGAGAAG	1200
15	ATAAAGTACA TACCAAATA TCAGTAAATC AAGGATACTC GTTACAATTT TTAACGTACT	1260
	GAGGTTTTGA AAAAAGTTGG AAAAATCCAT AACATCTCCT CCGGGTAATA TTTTCCATA	1320
20	ATACCCATTA TACCAATCAT TT	1342

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 414:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1073 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 414:

	CTGTATAAAG ATGGAGGTGT TTTGCATGGT AAAACGTACT TATCAACCAA ATAAACGTAA	60
	ACATAGTAAA GTTCATGGTT TCAGAAAACG CATGAGCACA AAAAATGGCC GTAAAGTTTT	120
35	AGCGCGCCGT CGTCGTAAAG GCCGTAAAGT TTTATCTGCA TAAGATCACT GACTCATCAG	180
	TGATCTKTTT TTTCGTTTAA ATTAAGAATA AATAGAAATT TATGTTATAA GCTCAATAGA	240
	AGTTTAAATA TAGCTTCANA TAAAAACGAT ANATAAGCGA GTGATGTTAT TGGAAAAAGC	300
40	TTACCGAATT AAAAAGAATG CAGATTTTCA GAGAATATAT AAAAAAGGTC ATTCTGTAGC	360
	CAACAGACAA TTTGTTGTAT ACACTTGTA TAATAAGAA ATAGACCATT TTCGCTTAGG	420
45	TATTAGTGTT TCTAAAAAAC TAGGTAATGC AGTGTTAAGA AACAAGATTA ANAGAGCAAT	480
	ACGTGAAAAT TTCAAAGTAC ATAAGTCGCA TATATTGGCC AAAGATATTA TTGTAATAGC	540
	AAGACAGCCA GCTAAAGATA TGACGACTTT ACAAATACAG AATAGTCTTG AGCACGTACT	600
50	TAAAATTGCC AAAGTTTTTA ATAAANAGAT TAAGTAAGGN TAGGGTAGGG GAAGGAAAAC	660
	ATTAACCACT CAACACATCC CGAAGTCTTA CCTCAGACAA ACGTAAGACT GACCTTAGGG	720

TTTAGATACA ATTACGAGTA TTTCAACACC AATGGGTGAA GGGGCAATTG GAATTGTTTCG 840  
ATTGTCTGGA CCGCAAGCCG TTGAAATTGC TGACAAATTA TATAAAGGAA AACATCTTTT 900  
5 AAATGATGTT CCATCACATA CGATTAATTA CGGTCATATT ATTGATCCAG tCTAAAGAAG 960  
TGGTTGAAGA AGTTATGGTG TCTGTGTtAA GAGCGCCAaA AACATTTACA CGCGArGATA 1020  
TTATAGAgAT TAATTGTCAT GGTGGtATtk TAACGATTAA TAGAGTGCTG GGA 1073

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 415:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3176 base pairs.  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 415:

CTTTACCAAT GCCAAATCCG AAGTAAAGTA TAGCAATAAA GATTACTAAT ACAATTCTGT 60  
AAATGGCAAA TGGAATTAGT TTGATTTTGT TAATTAGATG CAAGAATGTT TTGATTGCAA 120  
25 TTAGTCCAAC AGTAAATGCA GCTAAAAAGC CTAAAATATA AAAAGGTATA TCAGCAATCT 180  
GAATATCTTG ATAATGTTTT AATAAAGATA AACCCTAGC TGCTAACATA ATTGGAACAG 240  
CCATAATAAA TGTAAGTCC GATGCTGCTT TATGATTTAA TTTCAATTAAT ACCCCAGTTG 300  
30 AAATTGTTGA GCCTGAACGG CTGAAACCAG GCCACATAGC TACTGCTTGA gAAATACCAA 360  
TTACAAATGC TTGGAAATAA CTGATTTGAT CTACTGTTTG TGGGTTTTTA ACTTTAGCTG 420  
AGTATTTATC AGCAATAATC ATATAGATAG CACCTACGAA TAAGCCAATC ATAACAGTTG 480  
35 GCACACTAAA TAAATGTTCT TCGATGAAAT CATCAAATAG TAAGCCTAAA ATACCTGCTG 540  
GCACCATACC CACTAATACA TGTAATAAAT TTAAACGTCT TGGCTTTGAA CGTCTTTGTT 600  
GATCGTTATC TCCTTCAACA TGTTTGTGTT TACCAATATG TAAATCTCT AAGAAGCGTT 660  
40 CGCGGAACAC CCATGCTGCT GCAAAGACGG ATCCTAATTG GATGACGATT TTAAATGTAA 720  
ATGCTGACTG AGAACCTAAA AATTCAGATG ATTTTAACCA CATATCATCA ACTAGGATCA 780  
45 TATGTCCAGT AGAGGAAACA GGTGCAAATT CTGTTAATCC TTCGACGACC CCTAAGATAA 840  
TACCTTTTat TAATTCAATG ATAAACATAA TGTACCCACT TTCATTACTC AATTTAATTT 900  
ATTTAAATAT CAAAATTACC ATATCATGAT AGCATATTCA TTTAAAGACA TGCTAGTTAT 960  
50 AGTTATAATA CTAGACTAAA GATGTATATA TTCATTTTCT TTTACATGTA AAACCTACAAT 1020  
ATTTTATTGA GCTATTTAAT TTGATTTTAA GGAAACCTT TTATAATAGG TTTAGGTGAT 1080

	TTCTTGGTCA GTACTGGTCT CGGCATAATC GTTATAACGC AAAATATTTT AATAGCAGAT	1200
	TTTTTAGCTA AAATTATAAG ACATCAATTT CAAGGTTTAT GGATTGTATT ATTTATTTTA	1260
5	TTAGGTGTTT TACTTTTAAG AGCAACTGTG CAATTTCTAA ATCAATGGTT AGGTGATACA	1320
	TTAGCATTTA AAGTTAAGCA TATGCTTAGA CAGCGGGTTA TTTATAAAAA TAATGGTCAT	1380
	CCAATCGGTG AACAAATGAC TATACTCACA GAAACATTG ATGGTCTAGC ACCTTTTTAT	1440
10	AAGAGTTATT TGCCTCAAGT GTTCAAATCA ATGATGGTTC CGCTCATCAT AATCATTGCA	1500
	ATGTTTTTCA TCCATTTCAA TACCGCATT AATTATGTTAA TAACTGCACC ATTTATTCCT	1560
15	TTGTTTTATA TTATTTTCGG TTTGAAAACG CGAGATGAGT CAAAAGATCA AATGACTTAT	1620
	TTGAATCAAT TTAGTCAACG GTTTTTAAAT ATTGCTAAAG GTTTAGTGAC GTTAAAGCTA	1680
	TTTAATCGTA CAGAGCAAAC AGAGAAGCaT ATTTaCGACG ATAGTACTCa GTTTAGAACT	1740
20	TTAACAATGC GCATTTTaCG CAGTGCTTTT TTATCGGGAT TAATGCTCGA ATTTATAAGT	1800
	ATGTTAGGTA TTGGATTGGT TGCATTGGAA GCAACGCTAA GCTTAGTAGT ATTTCATAAT	1860
	ATTGATTTTA AAAC TGCGGC AATTGCGATT ATTTTAGCGC CTGAATTTTA TAATGCAATT	1920
25	AAGGACTTAG GGCAAGCGTT CCATACTGGA AAACAAAGTG AAGGTGCCAG TGACGTTGTG	1980
	TTTGAGTTTT TAGAACAACC GAACTATAAT AATGAATTC TATTAAAGTA TGAGGAAAAC	2040
	CAAAAGCCAT TTATTCAGTT AACAGACATA TCATTTTCGAT ATGATGATTC TGATAGATTG	2100
30	GTATTAAATG ATTTAAATTT GGAAATATTT AAAGGTGATC AAATTGCACT TGTAGGTCCA	2160
	AGCGGGGCAG GTAAATCCAC TTTGACACAT CTTATTGCAG GTGTTTATCA GCCAACAATA	2220
	GGTACTATAA GTACAAACCA GCGTGATTTA AATATAGGAA TACTTAGTCA ACAGCCATAT	2280
35	ATTTTCAGTG CTTCTATAAA AGAGAATATT ACGATGTTTA AAGATATAGA AAATAATACT	2340
	ATTGAAGAAG TGCTAGACGA AGTAGGTTTA TTAGACAAAG TGCAATCTTT CACAAAAGGC	2400
40	ATTAACACAA TAATAGGTGA AGGAGGCGAA ATGTTATCTG GTGGACAGAT GAGACGCATA	2460
	GAACTTTGCC GTCTTTTAGT TATGAAGCCA GATCTCGTTA TATTTGATGA GCCTGCAACT	2520
	GGTTTAGATA TTCAAACAGA ACACATGATT CAGAACGTTT TGTTCACAA TTTTAAAGAT	2580
45	ACAACGATGA TTGTCATTGC ACATAGAGAT AATACAATTC GCCATTTACA ACGACGCTTG	2640
	TATATAGAAA ATGGAAGACT GATTGCTGAT GATCGCAATA TTTCAGTAAA TATAACAGAA	2700
	AATGGTGATG ACTTATGAAA ACACGACTAA AATTTCAAGT AGATAAGGAT TTATTGTTAG	2760
50	CTATAGTTGT TGGTGTGTTG GGAAGTTTAG TTGCGCTCGC CATGTTTTTC TTAAGTGGTT	2820
	ATATGGTGAC ACAAAGTGCA CTGGGTGCGC CACTATACGC TCTGATGATT TTAGTCGTTA	2880

ATAAAGCTAC ATTTACAATG CTACGTGATA TTCGGGTACA GTTTTTCGGT AAATTAGTAA 3000  
 ATGTCATTCC TAATGTTTAC CGTAAACTGA GTTCTAGTGA TTTAATTTCA CGTATGATTA 3060  
 5 GTCGTGTTGA GGCATTACAA AATATAkATT TACGTGTTTA TTATCCACCA GTCGTCATCG 3120  
 GTTTGACAGC GCTAGTTACA GTCATAGTTT TGGCGTTCAT TTCAATCGGC CATGCG 3176

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 416:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2109 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 416:

20 TCTTTATTTT AATTTC CAAT TGAATTTTTT TATTATTTAC GCATAGCTCT TAAAATTAAC 60  
 GTTACGATTG CAATTAAGAT AATTGAACCA ATTAATGCTG GCAAGATGTA AATACtTCCT 120  
 AATTCAGGAC CCCATTGTCC GAATAGTTTG CCACCTACCC ATGATCCAAT AATACCTGCG 180  
 25 ATAATATTGC CTAAAATACC ACCTGGGATA TCTTTACCCA TAATAGCACC AGCAGCCCAT 240  
 CCAATTAAGC CACCGACAAT TAACATTCCA ATAAATCCAA ACATAATTTT CAGTCTCCTT 300  
 TTTCTATTTA TTTTGCGTTA TTCTAAGTAG TACCCCTTAT TTACAATTCT AAAACAAATT 360  
 30 CAAATTATTT TTATCCAAAT ATTTTAAAA GTAGTAATTG AATATCAATT TTATTCAATG 420  
 TAGCTATCGT TATTTAAAGT CTCTGTACCG ATAATATCAT ATACATTTAC ATTATTTTTT 480  
 CTGCCGAATT CATAGCTTGA TTATTTTATG TTATAGGACT AgAATATACA CATATTATTA 540  
 35 GAGCATCTTT GAATTTTAAA TCAAGAAGCG AGGTTAATGA ACAATGAATA TGCATATTTT 600  
 ATATAACTTA CGAACTAAAC ATAATTTAGA AATTGACGAA TTAGCACAGC AATTAAATGA 660  
 GAAATATGGT ACTAAATATG AAGCACATCA AATTTGGGAA TGGGAGAATC ATCACCATGA 720  
 40 ACCTAAATTT AAAGATGCCA TGCATTTAGC TGACTtCTTT GATGCACCAT ATGAAATGTT 780  
 TTTAGAAAGT AAGGTAAAG AATATCAGAA ACATTTAGAA GAAGTCGATA TTCGCATGGA 840  
 45 TAAATAGATG CAAATAAACC CTCACAACAC GTTTGGCATA TATCCTTTCA AATCTATACT 900  
 GGATATATTA CATTACGTTG TGAGGGTATT TTATTAATTA ATATGAATTA AGACATTTTA 960  
 CAAGCGTTAA TGCAACGAAT CTTTTTAGTG ATCTTGCTCA CTCTTTAATA CTTTACCGTT 1020  
 50 CTTAGCATCA ACAGTAACTT CTTGTTTTTT ATTACCTTTT TTCAAATCGA TATTGTAAAC 1080  
 AAGTTTGCCA TCATCTTTTT CAAGTGACCA TTCTTTAATA TCACCATCAA ATTCTTTTTG 1140



5  
 10  
 15  
 20  
 25  
 30  
 35  
 40  
 45  
 50  
 55

ATTCATTGTA TCTTCTTTTT CAGTCTTTTT GTTAATCACT TTTTATTTT TATCAGCAAC 1260  
 AAGTACTTCT GACTCTTCAC CAGATTTTGT TTGCGTCACT TTATAAGCCC ATTCACCATT 1320  
 AGAATTTTCA AATGAAATTC CTTTCAACTT TTGGCCTTGT TAAGTTTCTT CAGCTTTTTT 1380  
 CACAGCATCT TCTGGGCTTG TTTTAACATC TTTTAAAGCA ATAACATCTT TTGTTGTATT 1440  
 AGTGTCTTGA TTAGTATTTG ACTCTGTTGA TTTTGTTC A TCTTTTGGAG TATCATTGCC 1500  
 ACATGCAGTA AGCACCACCG CTGACATTGA TAACACTGCT AATGATTTTA ATTTCATAAT 1560  
 ATCACTCTCT CTTCTTATTT TTGAAACTCA TAACAAAAGC TTATATGCTA TATAGATTGT 1620  
 ATTACCCCTT GTTTTTAATT TTATTCATAA TTATTACAAA TATTTTFAAA TTAATCGTCA 1680  
 TCGGTTACTT TCGTTCGTAC TCCTTTTATA AATGAACCAT GTAATATAAG CATGCTATTA 1740  
 TCGACTCAGT TTGTCTAATG CTTTCTTTGG TACTTCTTCC TTTTCAACTT CTTCAAAAGT 1800  
 TTCTACATGA TGACCTTTAT GTGTAATTTT CAAGTATCTA TGCGGTTTAA CATCAAATGT 1860  
 AGCAGTATAC ATTAATTGCG TCTCTTTCCC TTCTTTATTA AAAACACTTT GACTATAACT 1920  
 TCGGAGTTGA TCATCCATTC TAGTAGACAC CTCTGTCGTT TTAACATAAG AATCATCCTT 1980  
 CTTTACTAAT GGGTTAAATT GATCTGTTAT ACCATGGGAG TCTATTGTTT TTAAAATGAA 2040  
 TAAAGCAGCA TAAGCGCCAA TGATAGTAAG TACAAGATA GTkATTGTTT TTAAAATCGT 2100  
 TTCAAAAGA 2109

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 417:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 813 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 417:

40  
 45  
 50  
 55

GTTACATAAA TGAAAACAAA AAAGATAATT TTAGTGCTTA TGCTACACCA GAACATAATT 60  
 ATCAATTTGG TGGTGCTATG ATAGAAAGTG AAAAATTAAG CGAGTTACTA AAGCCAGCCA 120  
 ATCAGTTAAA ATCACCAGAT GATATAAAAA AAGAACTAAA TAAAAGAAG AGTCACTAAA 180  
 GTTAGGAGTT ACTTTAATGT CCAAAAAACA TGTTTTTATA ATTATTGGTG TCATATTGTG 240  
 TATATGTACA GTTTCTACGG TCATGCATTT TAAAATGAAA TATGATGAAA AAGAAAAACA 300  
 AAAAGCGATT TACTACAAAG AACACAAGA ACGTATTACA CTCTATCTTA AGCATAATAC 360  
 TAAAGAAACG AACACGATTA AATCTGTACA TTTCACAAAC TTGGAAACAA GTCCTATGGG 420

ATCGCCTGAA CATAATTATC AATTTGGTGG CGCTATGATA AAAAGTGAAG GAGTAGATAA 540  
 ATTATTAAAA CCAGCACATG AAAGAAAATC ACCAGAAAAA ATCAAAGAAG AATTAGATAA 600  
 5 AAAAGAAGGC CACTAGGGTC TTCTTTATTT TTGATTTAAT CTTCCAATAA TCTATGTCAT 660  
 TGCTATCGAA GGTGTTTCGC AATTAATATA AATCACTTCA TCATCACCAA TACTTCCCCA 720  
 GTTTTGTACA GTACATTAAC ACAAACGAAC CACGTTAATT TAAATGGAwT AaTAGTTTGG 780  
 10 CCATTATAAG AACAAATATAT ATCGAnTAAC AAT 813

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 418:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 640 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 418:

AAAAGCAATC GTTGGTGGTG CTAAATTCAT CGGCAACTCA TATGTAAAAG CTGGTCAAAA 60  
 25 TACTCTTTAC AAAATGAGAT GGAATCCTGC ACATCCAGGA ACACACCAAT ATGCTACAGA 120  
 TGTAATTGG GCTAACATCA ATGCTAAAAT CATCAAAGGC TACTATGATA AAATTGGCGA 180  
 AGTCGGCAAA TACTTCGACA TCCCACAATA TAAATAAGCA ACATGAACAT AGGATCAAAA 240  
 30 GTCATCCCCC ACTATCAATC ATGGGGGATG ACCTTTGATC CCTTTTTTAT ACATACACAA 300  
 GCAAAAATAG CGGTGATTGT TTACCATCAA TTTTAACAAT CACCGCTACT TTTGCTTGTA 360  
 ATTCATGATT CAATTTTTGT TGTGTGCACA ACGACACTAA ATTATGTGTT TGCTATTGTC 420  
 35 GTGTTACAAC GATATGCGTC GTTGATTAA CTTATCAAGT AATTGATTAA AATTGTCTAA 480  
 TTCGACTTCC GATAAACATT GACATCTTGC TTCAATCAAT TCGCAACGTG CATTATTTAT 540  
 TTGTGAAATT AATGTACGTG CTTGATCAGT CAAAATTAAT TCTTTACATC TTAAATCTTC 600  
 40 GCTAGATTGT TGAATTGTGA TGTACCCnnt CAAAATAAT 640

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 419:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1159 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 419:

TTCTTGGATA CGTAATAAAT TACCTTTTGT CATAGGATTA AACATAGATC CAGGTAAAC 120  
 ATAAACATTT CTATTTTGCT CTAATGCAAA ATCTATCGTG ATGTGACTGC CACTTTGTTC 180  
 5 CTAGCCTCA GTAATTAAAA CCCCTTTTGA CAAACCGCTG ATAATTCTAT TCGCTCAGG 240  
 AAATCTATAT TTAGCGATTG GTGTATGTGG TGGATATTCA GATATAACTA AACCTTTTTC 300  
 TTCTATTTTA TTTCTTAATG CTAATGTACT TTTGGGATAA TGTGTTTGAT GGCCAAAGGC 360  
 10 TAAACTGCA ATTGTAGGGA GATTGTATTT TAAAGCTATT TGATGTGCCA TTGCATCAGC 420  
 TCCTTGAGCA AGGCCGAAA CAATTGTAA ATATTGCTT TTATCATTG ATAATAAAAA 480  
 TTCTAAAGAC TGTGGGTAT AACTGTAGA ATCTCTGCA CCTACTACTG CCAAATGATG 540  
 15 CATATTATT ATTAATTGA GTTCCCTT ATAGAAAAGA AGTAATGGAA ATTGATATAT 600  
 TTCTTTAAT AGCACTGGGT ATTCAGAATC CATATATGTA ATGTAECTTA CTTTAAATT 660  
 20 CTGCAGTCT TTAATAATAT CGTTATGATC AAGTTTATA AAAGCATAGT ATTTACGTAA 720  
 TAAATGAACA TTTCTTCCC TATTCACCCA TTCACATAAA TAACTATCTT TTTTCTTCC 780  
 CTCCTCTTA ATTACATTAG GATATGCCAT TAAAATTGA TGAATTGTT TAGTCGAAA 840  
 25 GTGTGCCAG TATAACTTAA GCAAAATAG TTTAATCAAT AAATCACTC CTTTTGTAA 900  
 TCATACAAA TCATATTCTA TTTTGTGTTT ACATTTCTAA TACAAAACA TTGTCGATGT 960  
 AATGTTATT TAAGGAGTAA AAATACTGAC TTAAGAGTG AAAAGTATGT TGGAAAGAAT 1020  
 30 TTAAATTTT AATTCCAAC ATACTTATA ATTAACTT ATAAATAAGT TTTGCAAATT 1080  
 TATATAGAAT TGGTCTTACT GGTTTGATGA AATCACCAAT TAATTCTTCA ACATGTGCAT 1140  
 TAAACCCTT TTAAATTG 1159

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 420:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1879 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 40 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 420:

TCAATCAGCG ACTACAAGAA GTGCGGTCT TCAAACAATT GATGTGACAA CACTAAGTGA 60  
 CCCCACTAAT ATTATCATGG GTATTTAAT GTTTATAGGA TCTTCGCCAA GTTCGGTTGG 120  
 50 TGGCGGTATT CGTACAACAA CTTTCGCTAT TTTAATTTTG TTTTAAATTA ACTTTAGTAA 180  
 TAATGCCGAT AAAACATCCA TTAAAGTTTA CAATAGAGAA GTACACATTA TGGATATTCA 240

55

ATCAGCTACT GAAAATGGTA AGCTTACATT TTTACAAGTA TTTTTTGAAG TCATGTCTGC 360  
 ATTTGGAACT TGTGGACTAT CGCTTGGTGT CACAAGTGAT ATTAGTGATA TTTCTAAGGT 420  
 5 CGTACTAATG ATACTCATGT TTATAGGACG TGTGGCTTA ATATCATTTA TCATTATGAT 480  
 AGCAGGACGT CGAGAACCAG ATAAATTCCA TTATCCAAAA GAACGTATTC AAATAGGATA 540  
 ATATAATAGC AATCTAAGTT TAGTTAATGT AGATTTTAAC TGGAACCTAG ATTGCTTTTT 600  
 10 TAGTTTGTAT TTTTAACTTA TTTTATAAGA CGATTGGTTT CGAAAATGGT AACTAGTAA 660  
 CAATGAGAGG TGTAACATGA TGGAAAAAAA TGAAACATT AATGTAGAGA TTTTAACTAC 720  
 GTCAGATATG CATAGTCATT TCTTAAATGG TGATTATGGT TCAAATATTT ATAGAGCTGG 780  
 15 TACTTATGTT AACCAAGTAA GAGCACAAAA TCATCGCGTC ATTTTATTAG ATAGTGGCGG 840  
 AAGTTTAGCT GGCTCGTTAG CGGCCTATTA TTATGCTATT GTTGCACCTT ATAAACGACA 900  
 TCCAATGATA AAGTTAATGA ACAGAATGCA TTATGATGCT AGCGGTGTGA GTCCAAGTGA 960  
 ATTCAAGTTT GGTTTATCAT TTTTAACTCG TTCAATTGCT TTGGCACGTT TTCCATGGTT 1020  
 ATCAGCAAAT ATTGAATACA ATGTTACTAA GGAGCCTTAT TTTTCAACTC CATATTGTAT 1080  
 25 TAAACATTTT GGTGACTTAA AAATTGCTAT CGTAGGCGTC ACAGCAGATG GTTTAATGGA 1140  
 AAATGAGTAT TCTGAAATGG AGCAAGATGT ATCTATTGAA AAGACATTAG TGGCATCAAA 1200  
 ACGTTGGATT AGATATATCC ATGAAGTTGA AGAGCCAGAT TTTTGTATTG TAATTTATCA 1260  
 30 TGGTGGATTG AATAAAATTA GTAATAGTAC GAAAAATAAA AAGGCAAGTT CGAATGAAGC 1320  
 TGAAAAATTA ATGGAAGAAC TCGGTGTTAT AGATTTAATG ATTACAGCTC ATCAGCATCA 1380  
 AACAAATAGTA GGTCAAGATC ATGAAACGTA TTATGTTTCAAG GCTGGTCAAG ATGCCAAAGA 1440  
 35 GCTTGTACAT CTTTCGATTA ATTTTAAAAA GAGAACAACA ACTTATGATG TTGAAAGCAT 1500  
 TGATTCTAAA GTGATTGACT TAAATGAGTA TGAAGAGGAT CAAGAATTAT TAGATTTAAC 1560  
 ATTCTATGAT AGAAAAGCAG TGGCTTATTG GTCACAGGAA ATCATAAGTG ATAAAGGTTT 1620  
 40 GATGTTATCA GTAAATGGGT TACAAGATTT AGTCTGTCAA ACACATCCAT TTTCGCAATT 1680  
 ATTACATGAT GCAATTCACC TTGCATTGTA TAATGATATA ACATGTGTCC ACGTGCCTAT 1740  
 GaACGGAGAG AAGGGGTGTA GTGGACAGAT TCGAAATGAA GrTTTGTATC aTGCATACCC 1800  
 45 ATaTCCAGAT aAGCCaTGGG tATGACAATT aGTGGTCAAA ATaTCAAGGT ATnTTGGGGT 1860  
 ATAGTTATTC ACCATTAGG 1879

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 421:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 2710 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 421:

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

AATTCCCCCT	TTTTCCCCAT	CCATTTTnCC	ATCCACTGGT	CCTTACGGGA	CCATATTATT	60
TnAAATTGGA	nAAAATTATT	TTAAAGaTTA	TwACTACTCT	TtAATCATTt	TtGTGAATTA	120
AAAAAAGTAG	TGCAAAAAGC	AAAATATACT	TTATACACTA	CAAATCATTt	ATTTATAATA	180
AAGTTTCACC	AAAAAATGTT	CCAACtAATG	AAACCGCTTG	TTCAGCAGTA	TGATTATTAC	240
TGTCAATCAA	TGGATTtACT	TCAACTAAAT	CCATTGAGGA	AATTAAATGT	GATTGATGCA	300
GTAATTCCAA	TGCAAAATGG	CTTTCTCTAT	AACTAAGACC	ACCCAAAAct	CTAGTACCAG	360
TGCCTGGCGT	TTCAAGCGGA	TCTAAAGCAT	CAACATCTAA	AGATAAATGA	ACGCCATCAA	420
CATTGCGTGA	CTTCAAATAT	TCTATTGTAT	TTTCAATTAC	TTCCTTTATC	CCCAATTTAT	480
CAATATCTGA	CATAGTAAAT	GTTTTAATAT	TATGATCTTT	GATAAATTGT	CTTTCACCTT	540
TATCTAAATC	TCTCATACCA	ATTAGTACGA	TGnTTTCTGG	CTTGATTACA	TTACnATTtA	600
ATTCTAAAAG	TTCTTTGGGA	CCTTCGCCTG	TCAAAATCCT	TAGAGGCATA	CCATGAATAT	660
TTCCACTTGG	TGACTCTTCA	GGTATATTTA	AATCACCATG	TGCATCATAC	CAAATAACAC	720
CTAAATTATT	ATAATGTTTA	CTTATTGCTG	ATACTGAACC	TACCGCAATA	GAATGATCTC	780
CACCAAGAAC	TAGAGGAAAT	CTGTTATTTT	CAATTGATGC	TGAAACCTCT	TTATTTAATT	840
TTTGATTAAc	ATCTATAATT	TCATCATAAT	TTCTTAATCC	TTTTTGTTCA	CTATGAAATT	900
TTTCAATGTT	CACAGCAGGt	ACCTTAATAT	CCCCCTTGTC	ATATACATCA	AGGTCTAATT	960
GCTTTAATCT	TGAAATTAAAT	CCAGCATATC	TAATTGCTGT	TGGTCCTAAA	TCAACACCTA	1020
ATTTTCTTTG	TCCAAATGTT	GATGGTGCAC	CTATAATATC	AATTGCTTTT	GTCTTTGTCA	1080
TAAGCGTCCC	CCTTTGCTCT	ATGTAATTAA	AGAATAATGT	ATGCGCTTAC	CATTATCAAG	1140
CAATAGCTAC	ACATATAATC	TGTTTATCTT	ATTACTTCAT	AAAAAAAGGT	TCTTCATCTT	1200
TTATGGTGGG	AAGGTAAAAC	TTCCTGCTTT	TTTTAATACA	CAAAAAGCGC	AATTGCCTCT	1260
ATAATTTAAA	GTGACCAAAC	CCAAACTAAA	GGAGACAAGT	GCGCCTATGT	GTAATGATAC	1320
CTTAGAATTA	CTAAGAATAA	AAGATGAAAA	TATAAAATAT	ATAAACCAAG	AAATTGACGT	1380
CATTATCAAA	GGAAAAAAAG	CAACAGTGGT	TAATGCTGTA	CTAACGTATA	AGCCTTCGGC	1440
CTGTTATTGT	TGTGGAGTTA	AAAATGAAGG	ACAAATTCAT	AAACATGGTA	AGCGTGTTTC	1500
TCGTATTACT	TTACTTAAAA	CTCAAGGGTA	TAACACATAC	CTCAACTTAG	CTAAACAACG	1560



GTGTTTTATC TCAAGATGTG TTAACAAAA AGTTATAGAA GAAGCTACTA AAGTTAAAAAC 1680  
 AGAGATTGAT ACTGCAGAAG ATAACGTAT CTCTCCATCT ACTGTAAGTC GTATTAGAAC 1740  
 5 TAAAGCGGCT AATTCATTAC GAATTAAACC CTTTAATTGT TTGCCAGAAC ACATCGCTAT 1800  
 GGATGAATTT AAAAGCGTTA AAAATGTAAC TGGATCAATG AGTTTCATTT TTATAGATAA 1860  
 TGATACTCAT GATGTTATAG ATATTTTAGA AAATAGAACT ACAAGATTCT TCGGTGCCTA 1920  
 10 TTTCGAGCGA TTCGATTAA AAAATCGACA ACAAGTTAAG ACGGTTACTA TTGACATGTA 1980  
 TGAACCCTAT GTCCGATTAT TTCGCGACCT ATTTCTAAT GCAGCTATTA TTTTGACAG 2040  
 ATTCCATATC GTTCAACATT TAAATAGAGA ACTTAATAAG TATCGTGTAC AAGTTATGAA 2100  
 15 TGAATACCGT AATAAAAAAG GACCTGATTA TACAATTTT AAGAATAACT GGAAAGTCCT 2160  
 ATTGATGGAT ACTAGTAAAA CCATATTTAG TAAATACAGA TGAATAAAT CTTTTAAGGC 2220  
 TTATAAACGC TCATCTGACA TTGTAGAATT CATGCTTTCA AAAGACGATA TACTACGACA 2280  
 20 CTCCTACGAA CTTGTCCAAG GATTACGAAA AGACCTAAGG TTATGTAATT GGCCTAAATT 2340  
 TATTAATCGT TTAAATTCAG TTAGTAAAA GTCTGTGAGT AAGGGTGTAT GGAAAGTGGT 2400  
 TAAATATTAT AGAAAACATC AAAGGATGTT AAGAAATACA ATTTATTACC CAGCATTAA 2460  
 25 TAATGGTGCT ATAGAAGGAA TTAATAATA GATAAAATTA ATCAAGTGAA TTTCTTTTGG 2520  
 TTACAGAAAT TTCAACAACT TTAAAGCAGG TATAATGATG aTTTTCAGCT TGTACAAAGG 2580  
 AGaAAAAAAG AAGACAACCA AGCCCAATAA TGGACTGGCC GCCTAATAWA nGGGskCTAA 2640  
 30 AAGTTgTATT TTTAAAAATA GTTCCTTTAA ATTATATACC CnCCACATTT GGGGGAGGAC 2700  
 CTAAAAAAGC 2710

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 422:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1027 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 422:

45 CATTTTAATT GtTaaaATTC CAAAAAtGT ArGTGGATTw AAAGrAAACC CtGTGTTTTT 60  
 AAAAGGtACC ATTaaaATAg TTCCGATTGT ACCATCCCAC GTGAAAtTTT TAgTAtTGCC 120  
 GGTGaGAGAA AATGCCAATG CAATCATCGC AGTTCATAAT CATCCATCCG GTGATGTAAC 180  
 50 GCCCTCACAA GAAGATATCA TAACAACAAT GAGGTTGAAG GAGTGTGGTT TGATTTTAGG 240

GGGTACTTT GATGAAAATG ATTGAAGTTG ATAGAATTAA TGACGTATCT TGTGTATAAT 360  
 ACCTACGAAG TACTTTCATT GGAGGAAAAA TAGTGACTCT ATTTATTATT ATCGGGGTTC 420  
 5 TCGTGCCAAT GGTTTATACC ATGCAGTTAA ATATTAAAAA TGAACCTGTa ACAAAGCGCA 480  
 ATCTTTTAAT AACATTAGCT TTATCTACGT TAGGTATTTT AGTAACCGCG TTAGCAGGTG 540  
 TAATCGTTAC GAAACAAGCT TTTCCTTTAT TAAGTGTAGC AATTGGCTCA ATTTTACTG 600  
 10 GAATCGTTTG GGGCCTTTTA CTAAGTGGTA GcTACGCGCT GATACGATTT TTATCTAACG 660  
 CATTGGGCG TAAGTAATAG TAATCTGTTT ATCAAGTAGT ATCCGTGCTT GAAAACAAAC 720  
 TAAAACTCCT AATGTGGAAC TAGTTAAAAA ATTCTAACT AGTACATTAG GAGTTTGTG 780  
 15 ATGCAGAATA AATTTAATTG TTAAATTGAA AGTGCGGTAA AAATCCACTA TTTATTGAA 840  
 AAAAATCGAG CAACCAAATT AAACCTTGAT ATCCTAAGTA AATACATAAT AAAACAAGTC 900  
 CGACATAAAT TAAAAATCGC AAAATAGAAA GTCCAACCTCT AAAAAGGAGG ATGACTAATA 960  
 20 GTGCTATTAA AATAATTGt AGTATACTCA ATGCTACAAA CCTCCTArTA CGCTTTTAAA 1020  
 TCCATAA 1027

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 423:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 569 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 30 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 423:

35 CGGCACATTT TTAATTTATA CATATTTTAA AACTAAGTAA CAGTTTGAAG AAATCGTAGT 60  
 TCAATAATGT TAATTGTGAA AATGTATATA AACATAAAAA AATCATGTAT AATATATGTT 120  
 GTTAATTAAA CAGTTCGAAA GCGAGATGAC ATTATGGGAC GTAAATGGAA TAACATTAAA 180  
 40 GAAAAAAGG CCCAAAAGA TAAAAACACA AGTAGAATAT ATGCGAAATT TGGTAAGGAG 240  
 ATTTATGTTG CAGCAAAATC TGGTGAACCC AATCCAGAAT CTAACCAAGC TTTAAGGTTG 300  
 GTGCTTGAAC GCGCTAAGAC ATATTCAGTG CCGAATCATA TTATTGAAAA AGCAATAGAT 360  
 45 AAAGCTAAGG GTGCTGGAGA CGAAACTTT GATCACCTAA GATATGAAGG ATTTGGCCCA 420  
 AGCGGATCAA TGCTAATTGT TGATGCGTTA ACAAATAATG TAAATCGTAC TGCCTCTGAT 480  
 GTGCGAGCTG CTTTGGTAA AAACGGCGGT AATATGGGTG TATCTGGATC AGTTGCTTAT 540  
 50 ATGTTGTCAT GTGGCCACAT TTGGTATTG 569

55

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3264 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 424:

10	TGGACCTATA AAATGGATGC ATCCAAATAT GGATGnGGGG TAnGGCGGGa AAATAGGaGG	60
	TTATATAGTA AGTCATTAA GTCGAATAGC CATCCTTTTT AAAATGAAAA AAATAGAAAG	120
	CTCAATAGTT TGTAAAGCC TTAAATAGC GTCGTTACGC AATTTTAGAA TGCTAAAAAT	180
15	TGTCACAAAT TTCAAATTAC GTGCTAAAGC TTGAGATATC AATATTTATT GGCGATAGAG	240
	TGTAATTTGA CTCCGCTTAC ATCTCAGTTT TATGTTTGTA ATTTGGTAGC ATAATATTAT	300
	AATAAAATAA AATTGTTAAT CTTTAATTTT AGTATAGATA TTTTACGTG TAGTCACGTG	360
20	TAAATAAAT TCAATTAGGT TAGGAGACAT AATTATGAAA ACATTTGGTA AAAAGGTTGT	420
	ATTAATCGGA GATGGATCTG TAGGATCAAG CTATGCCTTT GCAATGGTTA CGCAAGGTGT	480
	TGCTGATGAA TTTGTAATTA TTGACATTGC AAAAGACAAA GTAAAAGCAG ATGTTCAAGA	540
25	TTTAAACCAT GGTACAGTCC ACAGTCCTTC ACCAGTTGAT GTGAAAGCAG GTGAATACGA	600
	aGaCTGTAAA GATGCAGATT TAGTTGTTAT TACAGCTGGT GCACCTCAA AGCCAGGTGA	660
	AACACGTTTA CAATTAGTTG AAAAAAATAC TAAGATTATG AAGAGCATCG TTAAGAGTGT	720
30	TATGGATAGT GGCTTTGATG GATATTTCTT AATCGCGGCA AACCTGTAG ACATTTTAAC	780
	AAGATTTGTA AAAGAATATA CTGGATTACC AGCAGAGCGT GTTATCGGTT CAGGTACTGT	840
35	ATTGGACAGT GCACGTTTAC AATATTTAAT TAGCCAAGAA CTTGGTGTTG CACCTTCAAG	900
	TGTTGACGCT AGTATTATTG GCGAGCATGG TGATACTGAA CTTGCAGTTT GGTCACAAGC	960
	AAATGTAGCA GGTATTTTCA TATATGACAC ATTAAAAGAA CAACTGGTA GCGAAGcTAA	1020
40	AGCGGAAGAA ATTTATGTGA ATACACGTGA CGCTGCTTAT GAAATTATCC AAGCTAAAGG	1080
	GTCAACATAC TATGGTATTG CATTAGCATT GATGCGCATT TCAAAAGCCA TTTTAAATAA	1140
	TGAAAATAAT GTCTTAAATG TTTCTATACA ATTAGATGGT CAATATGGTG GTCACAAAGG	1200
45	CGTTTACCTA GGTGTACCAA CATTAGTTAA CCAACATGGC GCAGTTAAAA TTTATGAAAT	1260
	GCCATTAAGT GCCGAAGAAC AAGCGTTGTT CGATAAATCT GTTAAACAT TAGAAGATAC	1320
	ATTTGATTCA ATTAAATATT TATTAGAAGA CTAAGCCTAT TTTAAGTATT AATTAGAAAT	1380
50	ATATTAATGG TAAGAGGATC TATTAGTGTT GCAGTAACAC GTGGCACTGA TAGGTCCATT	1440

	TATGACTCGT GAAAATTTAG TGACATGAAT AAAAATGTTG AGGCGTCATT GAGTATAAAG	1560
	GAAAGTAGTT CTGCATTAAT CACGAAGTAG AGCATGACma CGAGGAATAA CTATAGGGaG	1620
5	ATGGTTTTGG AATGACGAtG TCTTGTATCA ACATGGTACA TTAGGTACGT TAATGGCTGG	1680
	CTTACTAGAA GGCACAGCTA CAATTAATGA ATTGTTAGAA CATGGGAATT TAGGGATTGC	1740
	AACGTTAACA GGGTCTGATG GCGAAtAATA TTTTtagACG GAAAGGCATA TCATGCTAAC	1800
10	GAGCATAAAG AATTTATAGA ATTAAAAGGC GATGAGAAAG TACCGTATGC ATCGATTACT	1860
	AATTTTAAAG CGAGTAAGAC ATTTCCATTG CAACAATTAT CACAAGATGA TGTATTTGCA	1920
	CAAATTAAAA ATGAAATGTT AAGTGAGAAT TTATTTTCGG CTGTtAAAAT TTATGGCACA	1980
15	TTTAAACATA TGCATGTACG AATGATGCCT GCTCAGCAAC CGCCATATAC ACGTTTGATT	2040
	GATTCAGCAC GCAGACAACC TGAGGAAAAA AGACAAGATA TTCGTGGTGC CATTGTTGGA	2100
20	TTTTTTACAC CAGAATTATT TCATGGCGTA GGGTCTGCTG GTTTTCATAT ACATTTTGCG	2160
	GATGATGAAA GAGCTTATGG TGGACATGTT CTTGACTTTG AAGTGGATGA CGTTGTCGTT	2220
	GAGATACAAA ACTTTGAAAC ATTCCAACAA CATTTCCCGG TAAATAACGA GACGTTTGTT	2280
25	AAAGCGAAAA TAGACTATAA AGATGTGGCA GAAGAAATTA GAGAAGCTGA ATAGTCTAAT	2340
	ATAATTAAAA GACCTTAGCG ATATTAGGAA CAGGTGGTTC TAAATGCATC GTTAAGGTCT	2400
	TTTTATATTA TATATGTGCT TACATATTTT GTTGATACGC GCGTAAAAAG CTATAAATAG	2460
30	TATCAAGATA TGGGGTGTCA AGAATGTGTT CACGTGCACG TCGATAAATA AAGCCTTGAA	2520
	TCGCTTCGAC TTCAAGAGGT TGCTGATGCG CAATGTCGTA ATACATGCTC GTTCCCATT	2580
	CGTCGGGATA ACCTTGATAT ATAGTCATAA TAGTATCGAC AGTTTGTCTT GAAAAGTTTA	2640
35	ACCCCTCTGC CTGTGCAACA CGACAACCAT CTAGTAATAG CTGTCTACAC AGTGACGTA	2700
	TTTCAGGATT ATGCATGATT GCAACGGTCT GTCTACCGAG TGCTGTGATA GAATTAATGC	2760
	CCAAGTTAAC TAACAATTTA TACCAAATAG CTTGTTGAAT ATTTGCTTCT AATACAATGT	2820
40	CGATTTGACT GTCTTGACC AAATCTCTAA ATTGTCGAGT TAATGCATTA TCTTGATAC	2880
	GTAATTGATA ATCTCTGAAG TGCCTAACAA CATCGCCTTT CTTTTGACCA CTtATATAGA	2940
	CAACTGCTTG GCATACGTTT TTAAATGAAA TATGTTGAG TTGACCATAA CCATTTTGGG	3000
45	CTAAAATGAT GAGCGTGTCC TCATGTGCAA GATGAGTTAA ATGAGGAATA ACTGCATCAA	3060
	GTTGATGTGT TTTGACTGCA ATAATAATAA CATCAAATGT GTTTGTGACA TCTTCATAAC	3120
50	CTTTCACAAC AATATCTTGT GCAGGTGCAT GTGGTACAGT ATAATATGTT ATTGTTTTGG	3180
	CGTGTCTCCC GATAAGCGTT GTATGAGGCA ATGATTGTTG TAATTCATAG GCAATAGTTG	3240

55

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 425:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 796 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 425:

AGAACGAACC TTTAATACGT ACGTGTGAC CACGAACTGT CATGACAAAT TGATAAAACG 60  
 AATAGTTTTT CATTAGTTCA TTGTCACATC AATCACTTTT GTkTCACCTT TAATCACAGC 120  
 ATTTTCATCA TAAATATTAA TTGAAGCTGC TTGATCAGTG TTAGTAATTA TAATTGGTGA 180  
 AATTACAGAT TTAGCGTTAT TATTAATATA TTCAAGGTTG AATCTTACTA ATGGATCTCC 240  
 GACGTAACT TCGTCACCAC TAGACACTAA CACTTCAAAT CCTTCACCGT CTAATTGAAC 300  
 TGTGTCTAAA CCGATATGAA CTAATAATTC TAATCCGTTA TCTGCTTTTA ACCCAATCGC 360  
 ATGCTTAGTT GGAAAGACAT TGTCACACG TCCTGCAATT GGAGACACAA CTTCTCCTTC 420  
 AGTTGGATTA ATACCAAAC CTTCGCCCAT CATTTTTTGT GCGAATACAG GATCTGGAAT 480  
 ATCTTCAATT TTCACGAATT CTCCAGTTAA TGGTGCATAA ATTGCGATAT CTTTCTGAAC 540  
 TTCTTGCCT TTTCCGAATA ATTTTTTAAA CATACTTCC ACTCCTACTT ATCAAATGT 600  
 GATATTAAAT CGCCATAACC CAATTCTTCT AACTTTTCAT ATGGAATAAA TTGAATTGCA 660  
 GCGGAATTGA TACAGTATCT TAAGCCGCCA CTTTCTTTAG GTCCATCATT AAAGACATGT 720  
 CCTAAATGAC TATTTGATTC TTCTGAACGC ACTTCAGTTC TCAACATACC AAATGATTG 780  
 TCGACTAATT CTATAA 796

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 426:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3393 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 426:

ATCCAGCAAA TCTTTCTTAT CACGTTCTGT AATTTTCTTA GTATCCATCT TGATTAGCTT 60  
 TGATAACTTT TCAGCCGTAT CCAACATTTT CGATTGTGTT GTTTTTCGAC CCCTAGTATA 120  
 TGTAATAGCC ATTTTAGAAG CATTATCAAC TAAAACTTTC CCATTTCTGT CTAAAATACG 180



	ATGTGAGCCT TGTGCGATTT GTAAATAACC TAAACGTAGT ACTAGTACTG CAAAAATAAA	300
	TACAATCACA CCAAATATAA AGTTAATTCT CTTGTTAATT GTATTTTGAA CGATTTTCATC	360
5	ATTTGATTTT TCTTTTAGTC TTTTAAACAA AACTACCTAC CTCTATTCAA AGTCTTTCAC	420
	TTTAAATCAT ATATGAATTT AGAAATTATT TCTATCTTTT TGACAAAAAA ATAACGGTCT	480
	CATTAAAGAG ACCGAACAAG TAATCATACT TTATTTTGTT GCATTATATA ATTCGTCAAC	540
10	TTTTTCCCAG TTAACATCAT TCCAAAATGC GCCAATGTAG TCAGGGCGTT TGTTTTGATA	600
	TTTLAGGTAA TAAGCGTGTT CCCATACGTC TAAACCTAAA ATAGGTGTTT TACCCTCAGT	660
	TAATGGATTA TCTTGGTTTG GTGTAGTCAC AATTTCTAAC TGGCCATTGT TTACGACTAA	720
15	CCAAGCCCAA CCTGAACCAA AGCGTGCAGC TGCTTTGTCA GCAAATTCTT TTTTAAATTC	780
	TTCTAAAGAA CCCCATTTGTT CTTTAATTTT TTCTACTACA GTACCTTTTT CTTCTGAGTT	840
	TGGTGAAAGT AACTCCCAGA ATAATGAATG GTTTAAATGT CCACCGCCAT TATTACGTAC	900
20	AGCAGTTTGG ATGTTAGCTG GTACACTGTC TAAATTAGCA ACAATTTCTT CAATAGATTT	960
	AGATTCTAAA TCTGTACCTT CTACTGCAGC ATTTAATTTT GTAACATACG TGTATGATG	1020
	TCTGTCATGG TGAATTTCCA TAGTTTCTTT GTCAAAATGT GGTTCTAATG CATCAAATGC	1080
25	GTATGGTAAT TTTGGTAATT CAAAAGCCAT AAATAATCAT CCTCCTAAAA TGTCTGTAAG	1140
	TAAATAATAA CAAGCACTGA CTGGTTCAAC AAAGAATTTG CTTAAATTCT ACTACTTATT	1200
	ATTTTCTCTA CTCATTTAAT ATAACCTCAA TCAAAAATAA TTAAACATTT TGTATATAAA	1260
30	AAGTTAACAG ATTTGCCATA AAATCATACG AACGGAGTAT GAAATGAACC TTTATCTTCT	1320
	ATAATTTAAA AAATGAGATT TATGCATACA TCGGACCAAA TGTGCATAAA TCTCATTTCT	1380
35	TTATATTAAT CTGGCAAGA CTCACATACA CCATAAACTT CAAGTTTGTTG TTTGTGAATA	1440
	TTAACACCAG GTAGTGATAA TTTTATCTGA TCTATTGGAC AATAATCTAT TACCTTTGTA	1500
	TCTCCACACT TTTCACAGAT AAAATGATGA TGATGATGGT TTGTACAAGC GATTCTAAAC	1560
40	TTCATTTTAC CATCAAGTTC TGTATTTTCA ATAATTCCTA AATCTTTAAA TAAGTGCAGG	1620
	TTTCTATATA TTGTGTCGAA TGAAATTCCA GGATAATTTT CATCCATAAC TTGTTGTATA	1680
	TACTTTGCGT TTATATACTT ATCTTCTTCG ACAAAAATAT CTAACATATC TTTACGTTTA	1740
45	TCTGTATATT TTAAACCGTT CTCTTTTAAA ATTTTAATAG CATCATTTGT ATTCATTGAT	1800
	ATTAGCTCCC TTTTAAACT TCATTCGCAT TTTCTGATAA GCCATTGTAA TCATAAGTAA	1860
	AATAACAAGT AGAACTACAA TTACACCACC CGGAGAAATG TCCATATAGA AAGCTAGGAC	1920
50	TAAGCCTAAT ATTACTGATA ATTCACCTAA AAATACACTT AGTAATATCA ATTGCTTAAA	1980

55

TATCCCTACA ACACGCATTG AGGCAGAAAT AACCATCGCT ACAATAACAA TAAATAAAAA 2100  
 TTGAATCCAT TTAGGAATGC CAATGACTTT ACTATATTCC TCATCAAATG ACAATATAAA 2160  
 5 TAATTCTTTA TAAAACAATG TAATAAACAG AACAACTATG ATGGCAATGA CAATAATCGT 2220  
 TGTAAATCA CTTATATTCA CTGCGCTTAT TGAGCCAAAT AGCAATCCAA CAATTTCTTG 2280  
 ATTGAACCCA TCAGCTAATG AAATGAAGAT TGCACCTCAAG GCGATACCAG CACTCATTAT 2340  
 10 AATTGGAATA GCAATTTCTT GGTAAGCAGT GTATGACGTT CTTAATTTTT CAATTAGAAG 2400  
 CGCACCTACT ATTGCGAATA AGATTCCAAA CCACATTGGA TTAATAAATA CTAGTGTTGG 2460  
 CATAATAGTA AGTAAAAACA TACCGAAAGA TATACCACCT AAAGTTACAT GACTTAGAGC 2520  
 15 ATCAGCTWTA AGTGATAGTC GTCTAACAAc GATAAAAGCA CCGaTTAGAG GCGCAATAAA 2580  
 ACCTAtCAAG ATaCCACTAA TTAAAGAGTA CCTCATAAAA TCAAAATTCA ATAATGCATC 2640  
 TATCAATTGT GACACGCCTT TCCATTTTAA ATAAACTCAA ATCTTTATTA ATTACAACAT 2700  
 20 TCTCGATTAT GCTGATGATC GACAAAACGT ACAGGATGTC CATAAATTTT TGAAATTTCA 2760  
 ACTTCATCAA GTGATTTAAA CTCATCAGTT GTACCATGGA AATGCAAATG CTTATTTAAA 2820  
 CATGCTACTT CAGTAGCAGT ATCTGCTACA ACACCGATAT CATGAGTAAC TAAGATAATG 2880  
 25 GTGATACCTT CTTGTTTTAA TTGATCTAAA GTATTATAAA ATTCACTTAC ATGTTTTGCA 2940  
 TCAATACCAT TCGTTGGTTC ATCAAGTACT AATACTGcAG GTTCTGAAAT CAATGCTCGA 3000  
 GCAATCATTa CACGTTGTTG TTGACCACCT GATAATTCTG CTATATTTTT ATGAATTAAA 3060  
 TCACTTATAT TCAGTCTTTC TAGTACTTTA ATCACTTTTT CATTATCTTT GCTATTAAAT 3120  
 GTTTGGAAAA GACGTTTTGT CTTTGTTAAT CCGCTTAAAA CAACTTCTTT AACACTTGCT 3180  
 35 GGGAAACCTG AATTAAAGGC ATTTGCTTTT TGTGATACAT AGCTTAATTT AATTGATGTT 3240  
 TcTTATTTTT AAAATCAATA CCTTCAACAA AAATCTCACC ACTTTGTAAA GGTAATAACC 3300  
 CTAGAATCAA CTTCAATAAT GkTGATTTAC CAGCACCATT TGGkCCAACA AwTGCTAAAA 3360  
 40 ATTCACCTTT ATTTATTTTG AATGnnnTAT ATT 3393

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 427:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1123 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 427:

5 CCCTGTTTCT TAGCCTTTTC GTATATGCGT TCATAAGAAG AATTCTTTTT GATTTCAGAT 120  
 TGTAAGCAC TGTTTTCAC TGAATTGTTA TCTATTTTAT AATCTAAATC TGCAATCTTT 180  
 CCTCGCGTAT CATACGCATC CATTTTTAAA GATAGCATAT AAATACTTAA CATAGCAATT 240  
 ACAGTAATCA AAGTTATGTA TAAAACTTTT TCAAATTTAG TTAATTGTAC AACCACITTT 300  
 CTCGAAACAG TCTTCTTTTC GGGCTTAGTT TGTGCTTGTT GCTTCGGTAT ACTATTATAA 360  
 10 ACTTGTTTCGT CATATGGTTG GTACACTTTT TCTACAGCCA TTATAAATTG CTCCTTATTT 420  
 AAGTATTTCA GCTACACGTA ATTTTCGCGCT TCGTGCTCTG TTATTGTCAT CTAAATCTTC 480  
 TTCTGTAGCG GTAATCGGTT TACGATTAAC ACGCTTTAAC TTAGGTGTAT ATGCTTCTGG 540  
 15 TATAACTGGT AATCCTCTTG GTACCTCTGG ACCTTTTTC TATTCTTGGA ACACCTGTTT 600  
 ACATAAACGA TCTTCTAAAG AATGGAAAGT GATTACCGAA ATCCTGCCAT CTACTTTCAC 660  
 TAATTCAATC GCTTGTTCTA TTGAATCTTC AAAAGCTGAC AATTCATCGT TTAGTGCAAT 720  
 20 TCGTAGTGCT TGAAATACTC GTTTTGCAGG ATGTCCGCCT TTTCTTCTTG CTTTTCAGG 780  
 AATACCTTCT TTTATAATGT CAACTAATTC TAATGTTGTT GTTATTGGTT GTTGTTTCGG 840  
 25 ATGTGCTTCG ATTCTTCGAG CTATCTGTTT TGAAAATTT TCCTCGCCAT AGCGATAAAA 900  
 AATCTTCACT AACGCTTCAT ATGACCAATT GTTAACAATT TCATATGCTG TTAGTTCTTG 960  
 TGTITGGTCC ATACGCATGT CTAATGTTGC GTCATGGTGA TAACTGAATC CTCGTTCTGG 1020  
 30 AATGTCGAGT TGTGGGCTTG AAACACCCAA GTCGTAATAA ATTCCATCTA CTTTTTCAAT 1080  
 GTTTAAGTCT TTTAATATTT GAGTTAATTC ACGGAAGTTG CTA 1123

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 428:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 838 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear  
 40

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 428:

45 TATATCCTCC AaACCATAAA AATGGAATTA TAGTGAAGAC CGCTATGATC CAGGATGACC 60  
 ACGTATTATA GAATCTTTTCg ATAGAGAAAC GAATCaACGT ATCCgACATC aCGAAATGAA 120  
 ATTAGAAGAT TATAAAGATG AGTTAAGAAG AGAATATCTA AAACAATCTG ACAGAATTGA 180  
 50 AGGAGATGAA TAAGCGTGGG ACTTGATTTT AGTGGTTTAC CAGATTTAGC AGTATTGGAA 240  
 CAAATGAAGG AAAAAGAACA GATTAGTGAG GTTATTGCGC CTGAACATGT TCGTATGCAT 300

55

CATTTCAAAA AATTGAAGA TGATTTTAAA AATGCGGCAC AAGGGGCTTG GGTGAAAAAT 420  
 GCCACAGACG AATTAAAAGA TATTAGTAAT GATTAGAAA AAATTCAAGA TATTAAAGTA 480  
 5 TAAAAAGGTA TTAAGAAACA CAATAAGTAT ATAATCCATT TAATAATAAA TGAATTATAT 540  
 AGTTCATAAT TTCGACTATA AGTGGCTATT AGCCATTATT TTTCGGGATC TATGTCAAAT 600  
 CGGACTAATG AATTCAATAA TGGAAGTTAA GCAACCAATC TTTGTTTAAAC TTCTTTTTTA 660  
 10 TTTTTTGGA AATAAGTTT TGAACATAAT AAAATTGAT TATGTTTAA CGAATTTTGA 720  
 TGTTCCTTGA ACTATATATC ATCTAGTCGT CATTTACAAT TGGTAAATAT GACTTCAAAC 780  
 15 TGkATGAAGG TGATGGCGAT TAAAAGGCTC ATCCGTAGGT TCTAAAGAAC TAGAnTTT 838

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 429:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1150 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 429:

NGTGTTCAAA TAATAGAATG GCTAATACCC CAACAATAAA TAGGAATAAA TATGTTGATG 60  
 TCGTAATTTT AGTAAATAAT GAAAATCTAA AATTAGTAAC CCTATTTTGA ATATAAGCTT 120  
 30 TAACTTCTAA TAATACTGGG AAGCCGATTG ATCCTAAAAT TATTAAAAAT ATAACATCG 180  
 CTTGTACAAA ATAATCATGT GCATAAGGAA TTAATGACTT ACCTGTAATA TCTAATCCAC 240  
 35 CATTGGTAGT GGCAGAAATA GAAACAAAAA CACCTTGCAT GATTGCATAT TTAAATCTG 300  
 GATTATCTCG ATAAAAGTAA AATGCTAATA ACATGGCTCC TACGAGTTCG ATTACAAATA 360  
 TTGATTTTAC AATATCAATA ATCAATTTGA CGGTACCACT CATTGTGTTT TTGTTATTAT 420  
 40 CTAACATAAT TAACTGACGT TCTCTAATTC CAATATGTTT ACCTAGTACC ACCCATAACA 480  
 TCGTACCAAT TGCCATGACG CCAATCCAC CAATATTTAA TATCAGGAGG ATAATTAATT 540  
 GTCCAAATGT AGAATAGGTA TCGACAATAC TTATCGGAGA CAATCCAGTA AACTAATTC 600  
 45 CGGATACGGC AACAAATAAT GTGTCAATTG GATTACTTC TACACCTGGT TTATGaACAT 660  
 ACGGTAAGTT TAATAATAAA AATGCAATGA CAATTGCGAC GATATAGTAC AATACAATAC 720  
 50 CTTGTTGAGG GCTTGATCTT TTAAAAACT GGCTAAAAAT TGACACGTTG TTCACCTCAA 780  
 CATTATTTTA GTTTAATATT AATTCTTTC TCTTTACCAT CTCTATAAAT CTTCGCTGTA 840  
 ATTGATTICA AGTCATCTTT ATGACTAAAT ATAATCTGCC TAAAGCGTAA ATCATCTTCT 900

AAACCATTGT TGTCAACTTG ATCTACAACA ACACCGTTCT TAACTTTTCC TGGCAATTTA 1020  
 ACTGCTTGTC TTTCAAAAC TTTAGACTG ACAATATTCT TCATTTTAAC ACCTACATCG 1080  
 5 GGATAGTCAA TTTTACCTTT tGTTTCTAAA TCTTTTACAA TCTTTtGTAC TTCATTAAaCA 1140  
 GGtATTGCAA 1150

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 430:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 797 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 430:

20 AAGAATATTT AGGATTTTAT GTTTCGCAAC ACCCAGTAGA TAAAAAGTTT GTTGCCAAAC 60  
 AATATTTAAC GATATTTAAA TTGAGTAACG CGCAGAATTA TAAACCTATA TTAGTACAGT 120  
 TTGATAAAGT TAAACAAATT CGAACTAAAA ATGGTCAAAA TATGGCATTG GTCACATTAA 180  
 25 ATGATGGCAT TGAAACTTTA GATGGTGTGA TTTTCCCTAA TCAGTTTAAA AAGTACGAAG 240  
 AGTTGTTATC ACATAATGAC TTGTTTATAG TTAGCGGGAA ATTTGACCAT AGAAAGCAAC 300  
 AACGTCAACT AATTATAAAT GAGATTCAGA CATTAGCCAC TTTTGAAGAA CAAAATTAG 360  
 30 CATTTGCCAA ACAAAATTATA ATTAGAAATA AATCACAAAT AGATATGTTT GAAGAGATGA 420  
 TTAAAGCTAC GAAAGAGAAT GCTAATGATG TTGTGTTATC CTTTTATGAT GAAACGATTA 480  
 AACAAATGAC TACTTTAGGC TATATTAATC AAAAAGATAG TATGTTTAAT AATTTTATAC 540  
 AATCCTTTAA CCCTAGTGAT ATTAGGCTTA TATACTTTy ATCAACTAAT AAATTATGAT 600  
 ATAGTAAACT GATGGTTAGA TATTTyTyAA CCATCAGTTT GCGTktATAT TAGTTTTTTA 660  
 40 TGCTTATTAT TTTTATGAGT TCACTTTAC ATTATTGATT AATCCATAAG AATAATTAGC 720  
 ACAAAAAGCA GTATACATAA ATTGAGTAAA GAATTTTGTC GATATAACCG nGCGGAAAAA 780  
 TAATAACnTT TTGGATn 797

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 431:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1466 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear



	TTTCCAAGAG AAGTTGCGGA AGTAATTAAT AAAACGCATC ATAATAAATT GGTCATTTCG	60
	ATGATTTCGK CACAAATCGA TGCGGATAGA ATGGATTATT TACAACGTGA TCGGTATTTC	120
5	ACAGGTGTAT CATATGGTGC TTTTGATATG GAGCGTATTT TAAGATTAAT GCGACCTTCT	180
	AAAGATGAAG TACTAATCAA AGAAAGTGGT ATGCATGCAG TTGAAAACCTT TATTATGAGT	240
	CGTTATCAAA TGTATTGGCA AATTTACTTC CACCCAGTTA GTCGTGGTGG AGAAGTGCTG	300
10	CTTAATAAATT GATTGAAACG CGCAAAACAG CTTTATAATG AAGGCTATGA ATTTAAGTTG	360
	CATCCACATG ATTTTATTCC ATTTTTTGAA GAGACAGTTA CGATTGAACA ATATGTTGAA	420
15	CTCGATGAAG CGGTAGTTAC GTATTATTTG GAAAAATGGA CAAAAGAAGA TGATGCTATT	480
	TTAAGTGATT TAGCAAGTCG ATTTATTAAT CGAGACTTAT TTAAATATAT TCCATTTGAT	540
	GGCTCAATTA TTACAATATC AGAACTGCAA GAACTGTTTG AAGCAGGTGG TATTAATCCA	600
20	GATTATTATT TTGTGAGTGA AGCATTTTCT GATTTGCCAT ATGACTATGA TCGACCGGGG	660
	TCAAATCGCA AACCGATTCA TTTATTAAGA CAAGATGGTA CGATTAGAGA AATAAGCAAT	720
	CAATCATTAG TCATTCATAG TATTACAGGC ATTAATCGCC AAGACTATAA ATTATATTAT	780
25	CCTAGAGAAA TGGTTGCAAA GATTAAAGAT AAGACAATTA GAGAAGCTAT TGAAAATTTG	840
	ATTAATGAGC TTAATTAAAC AGGGCTAAAA TTGTTATCGT TAAATATGGA GGTTATATCA	900
30	TTGTCTGAGA AAAAAGGCTT TAATTTTAAT ATCATAAAAA ATGACCCTCT AGATGGTCAT	960
	AAAGGTACAA ATATTGGTTC AATTAGCTTA GACAATATTG CACCAGTTTT TATCGATGTT	1020
	GCTAACAAAG AAGCATTTAT TGATATTGGA GGCATGCATG CTCGTGCCAA AGTTGAAAAA	1080
35	GGTGTGAAAT GGATTACTGA TAAAGCTGCT GTTGAAGGCG ATGAAGCTAA AGAATATTGG	1140
	TTGTGTTGGG TAACAACAGA ACGTAATGAA CAAGGACCAT ATTACGCTGG TTTAACAGCG	1200
	TGCTATTTAT TAGTGAATAA AGCAATTCGT CGTGGTTATA AAAGTATGCC TGAACATGTT	1260
40	AATATGATGG ATAAATCAAT GAAACATCAT ATTATCATAG ATCAAATTGG TGACGAGAAT	1320
	AAAGCTATTT TAAAAGACTT TTTAATGAAC CATGATGAAG GTATGTGGAA GCATTCTTCT	1380
45	GATGCTTTAC ATCAAGCATT TAATTAAATA TTAGAAACTA AAATTTCCCA ATTAATCTAT	1440
	AAAGATATGA TTCATTCTC AATGAC	1466

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 432:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2304 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 432:

	TTGTACGAAT ACAAAGTTGC ATTAATATAG AATCATTTAT GCTTTTTAAT ATCACAAAAC	60	
5	AAATTGATTA AACTAGCTAA AATAGTCAAA ATTGGAATCA AGATTACATA AATATCATAA	120	
	CCTCTAGATA TTAGTATACA TAATATAATT AGCGACCCTA TTATAATTGC TAAATTATAA	180	
	GCCAAACTAA TTTTATATTT CATTTC AATT CCCACCTTAA TAGCATTAT TAAATTCTA	240	
10	TAATGTTTAC ATAGACTTCT TAACAACTT TAACCCAGCT AAGCTAAGTA TTGAAATAAT	300	
	TACACCTCCT AATATAAATA TATTACTTAA GCTTAGTAAA GGTATAATTA TACTTATCAG	360	
15	TCCTAAAGAC AATGTATCCG CTGCATAATT CGATGTAGAT GAGATACTAA ATACTTTCCC	420	
	CATCAAATGA TTTGGCGTTT TTATTTGAAT GGCAACTGAT CTTGTTAGTC CCTCTATAGA	480	
	TTGTCCAAGT CCCAATAATG TTGCACCTAT ATATAATATC GCCACACTTG GAAACACATT	540	
	AATAATCGAT AAGCCAATTC CCCAACTAA AACACCAATA CTAAATTTAA AGATTAATCG	600	20
	CTTTTCTGAC AGCAAACCCA TAATCAATGA CATTAAATAA GATGCTATAC CTAAACATGA	660	
	GTAGCTAGT CCATATACAC CAACGCCCTC TTTTAATATA TTGGAAATAA ACAATGGTAA	720	
	TACAACACGC CAAAGGCCAG TATTAATCAA TATGCAGGCA AATTGGATGA TTATAATAAA	780	25
	TGGAATTTCT TTAGATTGTT TCAAGAATTC CCAAGTTTCA GAAAAATCTT CTTTGTAGTG	840	
	TCTATCAATC ATGTTGTTAT TTGTATATTT TAAAAGTGCA TTAAAAATAA ATCCTAAAAA	900	30
	TAGCAATATA CTACAAATAA AAAAGACGCC AACATTACCA ACTAGTATTA CAATGACACC	960	
	AATTAAAGCA GGTAATAATA TATTTGAGCC TCTTTGCAAA CTATCGATTA ACGCATTACT	1020	
	IGTTGCTAAA TGCTCCTCAT CAATAATTC AGGAAGAATT GCCCTAAACG CAGGATCCGT	1080	35
	ATAGCAGTTA ATAATGGTGA TAGCTGTAGA TATGGTTAGA AGCGTCAGAT AATTTAAATT	1140	
	TGATGTTATT GCAAGTAAAG GAATAATTAT TATAATCAAA CTTAGTATAA GATCAGATAG	1200	
	ATAAAGTATT TTCTTTTAT TATGTTTATC AGAATATGCG CCACCGAAAA TACCAAATAT	1260	40
	AATAAATGGA AGTGTGTTGAC TCATAACCAT CATTGATAAT TTAAAGATG ATTGGTTTGT	1320	
	CAATTCAACA GTAAACCAAA TTATTTGTAA CGAAAACAGC ACAAACAAC TCCGACGTAA	1380	45
	GAATTACCA ATCAATAAAT ATGTAAAGTT TCTATTTTTC AAAACTTCTA AATACAACAT	1440	
	ATTTATCACC TCTCATAAAA ATAATTGAAT GCATCCACCA GCTTTTTTAG ACCTTCTTCT	1500	
	AAACTCTCTT TATCCAAAGC GCAATTAATT CTAATATAAT TTAGTCAGTT AAATATCAAT	1560	50
	TATTTGAAA TATACATACT ACTTGAAACA CCATACATAA CCCCCAAAT GACTACTCAG	1620	
	AGGTTATATT CTACTAATTA TGATTATATT AAATATGAAA ATATTATCAA AAAAATCAAA	1680	

TCATTCTCAT CATATTCTAG GTTGTTTTTA ACAAACTAAA TATAGTGAAT GCAAATCAAC 1800  
TATTATTTAA ATTATGAATT ATTTTAATTC TTTCTTCTAC GAGCCAATAA CATTAATCCA 1860  
5 GCAATTCCAA TTATACTACT AAAGATCAAA CCTTTTTGCG TGCTTTCTAA ACCTGTTTTT 1920  
GGTAATTCTG CTCGTTTTTT CTCTTGATTA GCTACTGATT CTTTAGCAAT TTTAGATTTT 1980  
TTAACTTTAT CATTTTTATC CATTGAATGA ACTGGGCCAT TTGGTTTTGC TCTGTCTTTC 2040  
10 GATAATCCTG GATTGTTAGG ATTTACTGGG CCACTTGGAT GAGTTGGTCT GCTCGGCTTC 2100  
TCTGGGTTTT CAGGTCCTTT TGGATCTTTT GGTTCCTCTC CACCGAACTC TACAATCTTA 2160  
TCTACTGGTT GTTTGTGAT CTCTTCTGTT GGTTGACCCT CGCCAACCTT TTCACCTGTT 2220  
15 AATGGGkTCA CTGTGAWTGG TGkTGTGAWT GTCyTACTTC CTGGkTGTCC TTCTTGTTTC 2280  
ACTCGCTCTT CACCAGGTTG TAAT 2304

20 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 433:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 4733 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 433:

30 GTCTTAATAT TTTACAAGAT ACAGCCTGAC AATATTTATA TTACAAACCA ATATGGTAAA 60  
GAGGCTGTGT CTCGATTAAA AAGAATTTTA GAGCAAAGTA TACCTAATAA AGAATATATT 120  
35 GATTTATCAG AGATATCATT AATTACATTT TTAAACCAG AATATAATAA ACAACATGTG 180  
AATGAGGAGT TTAATTCTTT ATCTTCTTCG AAAATAAAGA ATTTAGCCAA AGAAAATGAT 240  
GGTATTATTA TTTATTTAAA TTTTAAGGAT GTTAATTATC AACTGaTAaG TGAAGGCAAT 300  
40 ACTTTTTTTT CTGCAAACC ATATTTGCAT TGTGTGTTCa ATAAAGATAT TTAAATATG 360  
GATAAAGTTG ATATAGAAAA TTTTTTCAAA AGTATAGAAG TCAAATACAG TAAATAAGAT 420  
CAATTATTGA ATCCACCGAC CAGCAGATTT TTTTAAAAA TTAATACCCC GTTAATACCC 480  
45 TTTGCTTCAA TTTGATGAAA ATCAATGAAA TTCAAATTG AAGAAATCCT TTAATATCAA 540  
GGTGTACGAC AGTCTATATA ATCATGCGAA ATTCTAAAAT TTTCTGAcGT AAAAAACAA 600  
ATTCyTAAAG CAGCTCGTCG TTCACCTCAA TTCTCAAAC GTTAATTGTC GGACGATATA 660  
50 TATACAAAAC ACCTCGATGT TATGTCGAGG TGTTTTTTTG CGTTTGTGTG GGGAATATGG 720  
AATAGAGTAT AAATGAATTA ATGTCTCAGG TATAGAATTA ATTCAACTAT GAATTATTGA 780

55

	TTAGCTTGCG GAGACCGTAC GATAGTGTTT TAATAATAGA TATTCAAGGG AAAGAGCTAT	900
	CGGATGATAA CCAGATGATA ACTCAAGAAC CATGCTTTAA GAGTGTTATC AAAATAAGGA	960
5	GTGACTTAAT TGAAAGATTC TATATTTTGG AAGAAAGCTT TTATTyCTGT TTATTTTATT	1020
	GTIGsGATGC TGGTGTTTCT ACTTTTTAGG TTTTATATTA AaACAGATAA CTTTTCTATA	1080
	TATTTAATGA GTATCTTCTT AATTGTGTTA GGAAGTCTT CTATCATTTA TAACTATAAA	1140
10	ACCAATCGAT AAATATAAGT ATGAAATGTA TAAGTCACAG TTAGATCTAA GTCTTGCTGT	1200
	GGCTTTTTTAT ATCTCCATAA AACGACAAAT TCAAGCCCGA CATAAAACAG CATTTTCAGC	1260
15	CCACCATAAA ACGACAATTT CAGCCCGCCA TTGACTAAAC ACCACATCCC AAAAATATCG	1320
	TAACAATCCT CTACATCAAT CAATCCAACA TCCCTCATAA TCACAACGCA CAAAATCTAT	1380
	TCATGCATTT TTGGAATACT TAGTATTACA AATAACGATT TTTATTCATC TAACAAAGGT	1440
20	TATATAATGT ACTGAAGGCA ATTTTTATGT ATTACAAATC TAATCGTACA TGTAATAATT	1500
	TGATAAACAT CATTAATTTT GCGTAACTAT CATTAGATTA CAAATCACAA AGTAATTACA	1560
	TGTAATACAC ATCTATACAT CACATTTGAA GGGAAATGaA TATAAATGAC TGATAAAAAG	1620
25	TACACTGCAG CCGATATGGT TATTGATACT TTGAAAAATA ATGGGGTAGA ATATGTTTTT	1680
	GGTATTCCGG GTGCAAAGAT TGACTATCTA TTTAATGCTT TAATTGATGA TGGTCCTGAA	1740
	CTTATTGTCA CTCGTCATGA ACAAACGCC GCAATGATGG CGCAAGGTAT TGGAAGATTA	1800
30	ACAGGCAAAC CGGGTGAGT ACTTGTTACA AGTGGTCCTG GTGTAAGTAA TTTAACTACT	1860
	GGATTATTAA CCGCAACATC TGAAGGGGAT CCTGTATTAG CGTTAGGTGG CCAAGTGAAa	1920
35	CGnAnATGAT TTATTACGAT TAACGCATCA AAGTATTGAT AATGCTGCGC TATTAATAA	1980
	TTCATCAAAA TATAGTGAAG AAGTACAAGA TCCTGAATCA TTATCAGAAG TTATGACAAA	2040
	TGCAATTCGA ATTGCTACTT CAGGAAAAAA TGGCGCAAGT TTTATTAGTA TTCCGCAAGA	2100
40	CGTTATTTCT TCACCAGTTG AATCTAAAGC TATATCACTT TGCCAAAAAA CAAATTTAGG	2160
	AGTACCGAGT GAACAAGATA TTAATGATGT CATTGAAGCG ATTAATAATG CATCATTTCC	2220
	TGTTTTATTA GCTGGTATGA GAAGTTCAAG TGCAGAAGAA ACAAATGCCA TTCGCAAATT	2280
45	AGTTGAGCGC ACGAATTTAC CAGTTGTAGA AACATTCCAA GGTGCAGGTG TAATTAGTCG	2340
	TGAATTAGAA AATCATTTCT TCGGTCGTGT GGGCTTATTC CGCAATCAAG TTGGTGATGA	2400
50	ATTATTACGT AAAAGTGATT TAGTTGTTAC AATCGGTTAT GATCCAATTG AATACGAAGC	2460
	TAGTAACTGG AATAAAGAAT TAGAAACACA AATTATCAAT ATTGACGAGT TCAAGCTGAA	2520
	ATTACTAATT ATATGCAACC GAAAAAGAG TTGATTGGTA ATATTGCTAA AACGATTGAA	2580

55

	CAATTAAGAA CACATATTGA TGAAGAACT GGTATTAAAG CGACGCATGA AGAAGGAATT	2700
	CTACATCCAG TGGAAATTAT TGAATCTATG CAAAAGGTAT TAACTGATGA TACTACTGTA	2760
5	ACAGTTGATG TTGGAAGTCA CTATATTTGG ATGGCACGTA ATTCAGAAG TTACAATCCA	2820
	AGACATTTAT TATTTAGCAA TGGTATGCAA ACGCTTGGTG TAGCATTACC GTGGGCAATT	2880
	TCAGCTGCAC TTGTGCGCCC TAATACGCAA GTTGTGTCCG TTGCTGGCGA TGGTGGCTTT	2940
10	TTATTTTCAT CACAAGATTT AGAAACGGCC GTACGTAAAA ATTTAAATAT CATCCAGCTT	3000
	ATTTGGAATG ATGGAAAATA TAACATGGTT GAATTCCAAG AAGAAATGAA ATATAAACGT	3060
15	TCGTCAGGTG TAGACTTCGG TCCTGTAGAT TTTGTAAAT ATGCAGAATC ATTTGGCGCG	3120
	AAAGGTTTAC GAGTTACTAA TCAAGAAGAA TTAGAAGCGG CAATTAAAGA GGGCTATGAA	3180
	ACAGATGGTC CAGTATTAAT TGATATACCT GTAAATTACA AAGATAATAT CAAACTTTCA	3240
20	ACAAATATGT TACCTGACGT ATTTAACTAA AATAAAGATA AATGTTAAAG AGGAGTGGGA	3300
	GATTTTATGA CTAATGTTTT ATACCAACAT GGTACATTAG GCACATTAAT GGCAGGATTA	3360
	TTAAAAGGAA CTGCATCAAT AAATGAATTA TTGCAACATG GTGACTTAGG TATCGCTACA	3420
25	CTAACAGGTT CAAACGGTGA GGTAATCTTT TTAGATGGAA AAGCTTACCA TGCAAATGAA	3480
	CATAAAGAAT TTGTAGAATT AAAAGGTGAC GAGTTAACAC CATATGCAAC TGTAACTAAA	3540
	TTTGTAGCAG ATACAAGCTA TGAAACGAAA GATAAATCTT CAGAAGCAGT TTTTGCAGAA	3600
30	ATTAAGGAAA AGATGTTGAG TGAAAATTTA TTTTCAGCAG TAAAAATTC AGGCTTATTT	3660
	AAAAAATGC ATGTACGTAT GATGCCGGCT CAAGAACCAC CTTATACACG TTTAATCGAT	3720
35	TCAGCTAGAA GACAACCTGA ACAAACTGAA ACGTATGTCA AAGGTTTCAGT CGTTGGTTTC	3780
	TTTACACCAG AATTATTCCA TGGTATCGGA TCAGCAGGAT TTCATGTACA CTTTGCGAAT	3840
	GATGATCGTA ACTTTGGTGG ACATGTCTTA GATTTTGAAG TAGAAGATGT TAAAGTAGAA	3900
40	ATCCAAAATA TAGAAACATT TGAACAGCAT TTTCCAATTC AAGATAAAGA TTCACTAAA	3960
	GCAAATATTG ACTATAAAGA TATTGCAGAC GAAATTAGAG AAGCTGAATA ATGAATCCAG	4020
	AAATATAATG ACGGTTTATG AAAATTGACT TCATAATGCG CGATTTAGAA ATGATAGTTT	4080
45	GTAAATATGA TTAACCATGA CTACAATAGA ACAAATATAT TTATAATTAC GTCTAAGTAA	4140
	TAAAATAAAT CCCTTCACTA TTAGCAGTAG TGAGGGGATT TATTAGGTTC CAGATATTTG	4200
50	AGATTTGCTG TTATGTTTAG ATTATAAATT GTGGTACACA CTCATATAAA ATTTACTATT	4260
	GTATAGGCCA ATCTGTTACT ACGAGAAGCA AACAACAATA ATTTACAAGT TCAATAACTA	4320
	AAAAGACAAA CGCCAATTTT TCAGCGCTTG CCCTATAAAA CTATTTTCAA ATTATTATT	4380

55



TTTCTTTAGA TTCACTACTT TTTTATTACC ATCATTCAAA GTAAGCGTAT AAGTTGCTGT 4500  
 TTGGGCATTA TTAATTTTTT CTGTTGTAAC ACCACGTTGA GAAGCTAATT CATTTTTTAC 4560  
 5 TTTACTGTCA ATTTCTTGAT AAAGAACATT TTTATTTTCT GGGAAGATAA AGTAAGTTCC 4620  
 ATGTAATGCA GTAATACCAT CTA CTACTGAAAT TGTGTAAGGA ACAGTGTGAT AACCATCCAC 4680  
 10 AGTCATTTCT TTATAGCCGT TATTACTATC TGCAGATGCT TCGTGACTCG GTA 4733

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 434:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1284 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 434:

AATAAATGGT AATTTTATAT CATCAACGGC TACAAATGGG GCAGTTTCAT ATATAAATAA 60  
 ACACATCTAC TCAACTGnTC TTAATTAATT AATAAATGAT TTACCAGATG ACATATAACA 120  
 25 GCCATTATTA GnTTAATTCT AATAGTTTAT TTAAATTTTC TTCGGTTGTC GCCCAACTGG 180  
 TTGCGAATCT AACAAACACGA TGTGATCAT CGTATTTTTC CCAAACAGCA AATTAACTT 240  
 TTTGTTCTAA CTCTGCTATT TTCTCGTTAC TTAAAATAAA AAATTGTTGA TTGGTTGGAG 300  
 30 AATCAAAGTA AAGACGATAG CCTTTATTTT TAAACCCGTC TTTCATCTTA TTGCCATTT 360  
 CGATAGCATG TCTGCTTATA TTAAAATATA AATTGTCCGT AAATAATTCT AAAAATTGTA 420  
 35 TGCCTGTAA CCGTCCTTTT GCTAAAAGGG CACCGTGGAT GCTTGATTCTG AGTGGTAAAT 480  
 TGTTCGGTT CATTATTTTT CGTAAAAACA ATGGCTTCCC CGCATAATGC ACCTATCTkC 540  
 GTACCACCTA TATAAAATAC ATCACAATAT TTAGCGrTGt CTTTAATAGT CATATCTGAT 600  
 40 TGGTCACTCA TCAATCCATA CCCTAATCGT GCACCATCCA TAAATAATGG AAGCTGATAT 660  
 TGCTTACATA CTTTGATAA CTCTTCCAAT TCTGaTTTAG AGTATAATGT GCCATATTCT 720  
 GTAGGATGAG AAATATATAC CATTCCTGGG AATACCATAT GGTCCTTTTT AAAATCACTT 780  
 45 TTAAATGTCT CCATGTAAGT TTCAACATCT GAAGCACTAA CTTTTCCTTC CTTAGAGGGT 840  
 ATAGTAATTA CTTTATGTCC ACTATATTCA ATTGCACCGC CCTCATGCAC AGCAACATGA 900  
 50 CCAGTGTCTG CTGAAATGAC CCCTTCGTAA CTTTCTAACA TTGAATTAAT AACAACTGA 960  
 TTGGTTTGTG TTCCACCTaC TAAAAAACGA ATTGTAGCAT TTGGaCAGTC AATTGTATCT 1020  
 TTAATCTTTT CAATTGCCTG AGCTGTGAAT TGaTCAAAGC CATATCCCGA AGCTTGTACA 1080

TCGAATGAAA TCACTACATT TCCCCCTAAA ACTAATATCA ACATTTTAAT AAGATAAACC 1200  
 AATTTCAAAA CTAGTTCGAT ATTTAAAATG TATTATGGAT GGnTAAAGTT TGTATCGCAT 1260  
 5 TATCGCGAAG TTGnATAAAT ATAT 1284

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 435:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1072 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 435:

ACAGCTTTTG GTAAGGAGA AAwTCAaTat GAAACAGTAT AArGCGTATT TaATCGATTT 60  
 20 AGATGGCACA ATGTATATGG GAACAGATGA GATTGATGGA GCAAnACAAT TCATCGATTA 120  
 TTAAATGTA AAAGGCATTC CTCATTTATA CGTAACTAAT AATTCAACAA AAACACCTGA 180  
 GCAAGTAACT GAAAAATTAC GTGAAATGCA CATTGATGCT AAACCAGAAG AGGTTGTAAC 240  
 25 GTCAGCGTTA GCCACTGCTG ATTATATTTT AGAACAATCA CCAGGAGCAT CAGTATATAT 300  
 GTTAGGTGGG AGTGGTTTAA ATACTGCGTT AACCGAAGCG GGACTTGTCa TTAAAAATGA 360  
 CGAGCATGTT GATTATGTAG TTATTGGACT TGACGAACAA GTTACATATG AAAAGCTTGC 420  
 30 GATTGCAACG TTAGGTGTAA GAAATGGtGC AACATTTATT TCTACAAATC CTGATGTATC 480  
 AATTCCTAAA GAGCGTGGTT TATTACCTGG TAATGGTGCT ATTACAAGTG TTGTAAGTGT 540  
 35 ATCGACAGGT GTATCGCCAC AATTTATTGG TAAACCAGAA CCGATTATTA TGGTTAAAGC 600  
 ATTAGAAATT TTAGGATTAG ATAAATCCGA AGTTGCTATG GTAGGCGATT TGTACGATAC 660  
 CGATATTATG TCTGGTATTA ACGTAGGTAT GGATACGATT CATGTACAAA CAGGTGTATC 720  
 40 TACGTTAGAA GATGTGCAAA ATAAAAATGT GCCACCAACG TATTCTTTTA AAGATTTAAA 780  
 TGAAGCAATA GCTGAATTAG AAAAATAGAT ATAGTCATTT TATAAAGTAG GTGAATTGAT 840  
 TTGGTAAAAA TAGTTGTTTC GAGGAAAATT CCAGATAAAT TTTATCAACA ATTAAGTAAA 900  
 45 CTTGGTGACG TTGTTATGTG GCAAAAATCA TTAGTGCCTA TGCCTAAAGA TCAATTTGTG 960  
 ACaGCCcTTcG TGACGCAGAT GCTTGTTTTA TTACATTAAG TGAACAGATC GATGCAGAAA 1020  
 50 TTTTAGCGCA ATCACCAAAT TTAAAGTAA TTGCGAATAT GGCTGTAGGA TA 1072

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 436:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3271 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 436:

	TAAAACTTA CTTAACACC ATTCCTTTT AACTTTTTTC GTGTTTCnTT TnCTTAAGTC	60
10	CATCCATATT TTTAATGATG TCATCTGCTG TTTTATCTTT TAAATCTAAC ACTGaGTGAT	120
	AmCGAATTTG TAGCACAGGA TCAAATCCTT TATGGAATCC AGTATGTTCA AATCCTAAGT	180
	TACTCATTTT ATCAAAGAAC CAATCATTAC CAGCATTACC TGTAATCTCG CCATCATGAT	240
15	TCAAGTATTG ATATGGTAAA TATGGATCGA TATGTAGGTA TAGACAACGA TGTTTTTTAA	300
	CATATTTTGA TAATTCATTA AAGAAAAAGT GTACGAGTTC TTGATTTTCA TAATCAATCA	360
	CTGGACCGCG ATTTGAATAA AAATACTTGA ACACTTTCAT AACAGGTACA GCAGTAAGtA	420
20	AGCAAGCTGC AATGACCTCG TTATTATTGT TTTTATTCC CACTAAATGT GTTTCATAAC	480
	CTTCAGCAAG CTTTAACTCA TAGTGGCCAA CAGTTTGCGT GaAATGACTG TATGGCATGC	540
25	TATCTGTAAa GGCACCAAAC TCTTTAGCTG TTAAATTTGT AAAC TTCATT ATCATTACTC	600
	CTATTTGTCT CTCGTTAATT AATTCATTT CCGTATTTGc AGTTTTTCTA TTTCCCCTCT	660
	GCAAATGgCA AAAATAATAA ATCTAATCTA AATAAGTATA CAATAGTTAA TGTTAAACT	720
30	AAAACATAAA CGCTTTAATT GCGTATACTT TTATAGTAAT ATTTAGATTT TTGAATACAA	780
	TTTCAAAAAA AGTAATATGA ACGTTTGGGT TTGCTCATAT TACTTTTTTT GAAATTGTAT	840
	TCAATTTTAT AATTCACCGT TTTTCACTTT TTCAAACAGT ATTCGCCTAA TTTTTTTAAA	900
35	TCAAGTAAAC TTAATTATTC AATGTTTGTT GGATAGATTG TAAATATTTA ATGATTTCTT	960
	CACGCGTGTT AGATTTAAAT CGCTTAACGA TTTCGCTACC AATGACAATG CCATCTGCAA	1020
40	CCTCTTTTAT ATCTGCAACA TGTGTGGTG TTCTTATACC AAATCCTGCG ACAACTGGCA	1080
	CATTGGCTAT CGCTTTAATT GACTCAATTT TTCGTTTTAA TTCTGGATGA AACGCACCGT	1140
	TTTGCCCTGT TGTCGCATTC ATCGTCACAG TATAAATAAA GCCTTCCGCA TGGGATACGA	1200
45	TATCTTTTAT ACGTTTGTCa TCAGTAGTCA TCGCAACTAA CGATATGATT TTGACGCCAT	1260
	AGTGACTAAA TTGTTGTTTT AAACGCTGCG ATAATTCATA TGGTAAATCA GGAATAATTA	1320
	AGCCGTAGAC ACCAGTATCT CGACATTTTT CAAAAAACGC TTGTTCTCCA TAATGACAAA	1380
50	TAATATTATA ATACGTCATT AATACATAGT TACACTTAAT TTGATCACCA TGTTTTTCTA	1440
	ATTGATTGAA AATATAATCT ATCGTGATGC CTTGTTTAAT CGCTTGTTGA CCTGCTTCCA	1500
55	TGATAACTGG ACCATCAGCA ACCGGATCAG AGAAAGGTAC TCCAATTTCA ATTATATCTG	1560

	GTATAAATAA TTTAGTCATT TGCAAGACCT CGCTCTACCA TATATTGTCT AATTGTTTCC	1680
	ATATCTTTAT CGCCACGTCC AGAAATAGTT ACTACAATAA TATCTTCTTT CGACATCGTA	1740
5	GGCGCTAGTC TTTCAACATA ACTCAGTGCA TGTGCACTTT CAATTGCAGG TATAATACCT	1800
	TCAIGTTTTG TAAAGTTGAT TAAAGCATT C ATTGCTTG TG TATCACTAGC ATTTTCAAAA	1860
	GTTACTCTAC CAATGTCGTG GTAATAAGAA TGTTCGGTC CAATACCAGG ATAATCAAGT	1920
10	CCTGCTGAAA TAGAATGTGC TAGTTGCACT TGCCCATCTT CATCTTGAAT TAAATACATT	1980
	TTAGTACCAT GTAATACGCC AGGTGATCCT TTGCCAATTG CAAGTGCATG TTTATCAGTA	2040
15	TCATCGCCTT GACCTGCGGC TTCAACACCG TATAATGCAA CATCATCTTT AATAAATGGA	2100
	TAAAATGTAC CGATTGCATT TGAGCCACCA CCGATACATG CTACAATTGC ATCCGGAAGT	2160
	CGACCTTCTT TCTTCAATAT CTGTGATTTT ATTTCTTTAC CAATCACACT CTGAAAATCT	2220
20	CTAACAATCG TTGGGAACGG GTCTGGACCT AATGCAGAAC CTAATAAATA ATGTGTATCA	2280
	TCTACATGAC TTACCCAATA TTGCAATGCT TTATTAAGTG CATCCGATAA AGTCCCTTGA	2340
	CCATCTTCAA CTGCCACAAC CTTTGCACCA AGTAATTCCA TTCTAAATAC ATTAAGTTGT	2400
25	TGTCTTTTAA TATCTTCACT TCCCATAAAG ACAACAAGTT CCATATCAAA TAATGCAGCA	2460
	ACCGTAGCAC TAGCTACACC ATGTTGACCC GCACCAGTTT CAGCAACAAG CTTCTTCTTG	2520
	CCCATCTTT TAGCAAGCAA CGCTTGACCT AACGCATTAT TAATTTTATG GGCGCCTGTA	2580
30	TGATTTAGAT CCTCTCGTTT CAAATATATT TTAGCGCCAC CTAGGCTTTC AGTATATGAT	2640
	GCAGCATATG TAAGTGGTGT CGCGCGTCCT ACATACTCTG ATAAATAGTA TTCCAGTTCT	2700
35	CTTTGAAACT CTGGGTCTGC TTTTGCCTCT TTATAAGCTT TTTTCAACTC AATAATTGCT	2760
	GGCATTAATG TTTCTGGAAC ATATTGCCCT CCATATTCAC CAAAGAAACC TAATTCATCT	2820
	GCTTCTGTTT GTATTTGTTT ATTCATTGTC TCTATCTCCT TTCACAATAT TTACAATTGC	2880
40	TGTCATTTTT TCTATATCTT TTCGCCCATT TACTTCTATA CCTGATGCAA GATCATAACC	2940
	TTGATGTGAT AATTAAAGTT GATTAAGTGT TTGAATATTT TCAGAGTTAA TGCCTCCTGC	3000
	TATCAAATAA GGTATGTCTT TTATGTGCTT CAAAATAGTC CAGTCATATG TTTGACCGGT	3060
45	ACCACCATAC GACACTGAGG GTGTGTCGAT AATAAATAAA TCTACGAACC CTTTATATTT	3120
	ATTTATGTTT TGGATTATGT TTTCATCTnG CAGtAAAGCT TTAGTGATTT TAATGCTTGA	3180
50	ATATktCTTT TTAATTTCTT GTAtAAAAAtC AATAGATTct GtGTAAGTGT ATTGTGkTAA	3240
	wTGaCGwATg CtTAaWACgT GTGCCAATGG T	3271

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 437:

(A) LENGTH: 1553 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 437:

10	ATAATGAAAT AATACTGTGT TTTATCTGCG AAATGTATCA TTTTCTAATc GTTTCACAGT	60
	AAAATGAAAA GATAAAGTGT GTTTTTACTT GAATTTTGAC TAAAATTACT CTATATTTAT	120
	TAATTGAGCT ATGCTTATTA TTACAATTG ATTACAAATT TTAAATTTGT TAATTGAATG	180
15	ATAATATTAA ATAAAGAAAC TTACACAAGC AAATATGAGT TGTAGCCCAA AATACTTGTT	240
	AAATCAAAGT TGAAAGCTAC AAATAATGAA AATTATAAAC TTGAATCTGA AAGTAATTAC	300
	TATAATTATG ACAATGTTAA CTTTTAAACG CACTTATTAA TTAACACAT AATGTTAATA	360
20	TCTAATTTAT TCAAGTACTT TCGCAAGATT TATTATCTAA ATAACGGGGG AAAGAATCAT	420
	GAGTtCACAA AAAAgAAAAT TAGTCTTTTT GCGTTCTTCT TATTAACCGT AATAACGATT	480
25	ACCTTGAAGA CGTATTTTTT TTATTATGTT GATTTTTCTT TAGGTGTTAA AGGTTTAGTA	540
	CAAAACTTAA TATTATTGAT GAATCCTTAT AGTTTAGTAG CACTGGTTTT AAGTGTGTTC	600
	CTATTCTTTA AAGGCAAAAA AGCATTTTGG TTCATGTTCA TAGGCGGCTT CTTATTGACG	660
30	TTCCTATTAT ATGCCAATGT TGTGTACTTT AGATTCTTCT CTGATTTTTT AACGTTTAGT	720
	ACTTTAAACC AAGTAGGTAA CGTAGAATCT ATGGGTGGTG CGGTTAGTGC ATCATTCAAA	780
	TGGTATGACT TTGTTTATTT CATTGATACG TTAGTTTACT TATTCATTTT AATATTTAAA	840
35	ACAAAATGGT TAGACACAAA AGCATTTAGT AAGAAATTTG TTCCTGTCGT AATGGCGGCT	900
	TCAGTAGCAT TATTCTTCTT AAACCTAGCT TTTGCTGAAA CTGACAGACC AGAATTATTA	960
	ACACGTACAT TTGACCATAA ATATTTAGTG AAATATTTAG GACCTTATAA CTTTACAGTA	1020
40	TACGaTGGTG TTAAAACTAT CGAAAATAAT CAACAAAAAg CGCTAgCATC TGAAGATGAC	1080
	TTAACaAAAG TATTAAAtTA TACGAAAcAA CGTCaAACmG AGCCTAACCC rGAwTATTAT	1140
45	GGGGTGGcAA rGAAGAAAAA TATTATTArG ATTCATTTAG AAAGTTTCCA AACCTTCTTA	1200
	ATTAATAAAA AGGTTAATGG TAAAGAAGTA ACACCGTTTT TAAACAAATT ATCAAGTGGG	1260
	AAAGAGCAAT TCACATACTT CCCTAACTTT TtCCATCAAA CAGGTCAAGG TAAAACATCT	1320
50	GACTCTGAAT TTACAATGGA TAACAGTTTA TACGGTTTAC CGCAAGgTTC TGCCTTTTCA	1380
	TtaaaaGGAG ATAATACGTA TCAGTCATTA CCAGCAATTT TAGATCAAAA GCAAGGCTAC	1440
	AAATCTGATG TCATGCACGG TGA CTATAAA ACATTCTGGA ACAGAGACCA AGTATATAAA	1500

55



(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 438:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1419 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

5

10

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 438:

ACAAAATCAA TCAGCAAAAT GATTGGATTA AGACGCAAAT TGAGCGTTCA ATGGAAGGCG	60
AAACAGTTGG CATTAATGAT CAAAATATAG AAATATATAG TGAACGtTgA GATTTATACC	120
ATACACTCGT ACCTTTAAAT CAAGAATTGC ATAAGTTGCG ACTTAAAACT CAAAACCTTAA	180
CCAATGAAAA TTATAATATT AATGATGTGA AAGTTAAAAA GATTATTGAA GATGAACGTC	240
AAAGACTAGC ACGAGAACTT CACGATTCTG TTAGTCAGCA ACTTTTGTGCG GCMAGTATGA	300
IGCTATCTGC TATCAAAGAA ACGAAtTAGA ACCACCATTA GACCAACAAA TTCCTATTTT	360
AGAGAAAATG GTTCAAGATT CGCAGTTAGA AATGCGTGCT TTGCTGTTAC ATTTAAGACC	420
GCTTGTTTAA AAAGACAAAT CTTTAGGTGA GGGTATTAAA GATTTAGTTA TTGATTTACA	480
AAAAAAAGTG CCAATGAAAG TTGTGCATGA AATACAAGAT TTAAAGTGC CTAAAGGTAT	540
TGAAGATCAT TTGTTCAAGAA TTACACAGGA AGCAATTTCG AATACATTGC GTCATTCAAA	600
CGGTACAAA GTGACAGTAG AATTGTTTAA TAAAGACGAT TATTTATTGT TGAGAATTCA	660
AGATAATGGT AAAGGTTTTA ATGTTGATGA AAAATTAGAA CAAAGTTATG GACTTAAAAA	720
TATGCGTGAA AGAGCTTTGG AAATTGGTGC AACGTTCCAT ATTGTATCAT TGCCAGATTC	780
AGGTACACGT ATCGAGGTGA AAGCACCTTT AAATAAGGAG GATTCGTATG ACGATTAAAG	840
TATTGTTTGT GGATGATCAT GAAATGGTAC GTATAGGAAT TTCAAGTTAT CTATCAACGC	900
AAAGTGATAT TGAAGTAGTT GGTGAAGGCG CTTCTGGTAA AGAAGCAATT GCCAAAGCCC	960
ATGAGTTGAA GCCAGATTTA ATTTAATGG ATTTACTTAT GGATGACATG GATGGTGTAG	1020
AAGCGACGAC TCAGATTAAA AAAGATTTAC CGCAAATTAA AGTATTAATG TTAAC TAGTT	1080
TTATTGAAGA TAAAGAGGTA TATCGTGCAT TAGATGCAGG TGTCGATAGT TACATTTTAA	1140
AAACAACAAG TGCAAAAGAT ATCGCCGATG CAGTTCGTAA AacTTCTAGA GGAGAATCTG	1200
TTTTTGAACC GGAAGTTTTA GTGAAAATGC GTAACCGTAT GAAAAAGCGC GCAGAGTTAT	1260
ATGAAATGCT TACAGAACGA GAAATGGAAA TATTATTATT GATTGCGAAA GGT TACTCAA	1320
ATCAAGAAAT TGCTAGTGCA TCGCATATTA CTATTAAAC GGTTAAGACA CATGTGAGTA	1380

55

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 439:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 608 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 439:

ATGTnGGCGG ACGTAAAGGA CATGTTTATA CTGATGATCG AGCATTAGAT ATTGATATCG 60  
 TTCCGCCTGC TCAAGCAGAT GGTAAGCTA CTAACCCCGA ACAATTATTT GCAGCAGGTT 120  
 ATGCATCTTG CTTCAACGGT GCTTTCGACC TAATTTTAAA GCAAAACAAA GTGCGTGATG 180  
 CTCATCCAGA AGTAACACTA ACAGTGAGAC TAGAAGATGA TTCAGACTCA GAAAGTCCTA 240  
 AATTAAGTGT TTCAATTGAT GCGACAATTA AAAATGTTAT ATCTCAAGAA GAAGCTGAAA 300  
 AATATTTACA AATGGCTCAT GAATTTTGTC CATATTCAAA AGCGACTCAA GGAAATATTA 360  
 ATGTCGATTT AAATGTAAAT GTTGTAGATT AGCATTAAC TAAAGAGATT ATTCAACGTT 420  
 ATTAATAAAA TTCACATAAA ATTCAAATt stCrAcCAAA AATTTTGGT TGGyTATTTT 480  
 TTCTATTCGT GATTGAAATT TCTGGCAATA TTTAACTGAA AATGATTGTA CCTTAGTCAT 540  
 CATAAATGTG ACCGGTTCCA ATACTGGCTT GACTTCTTCG CATACCGTCT ACAAATAAAA 600  
 GTCCAGTG 608

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 440:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 682 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 440:

CCTTTCAAtT TCTCCCAAgA TTTACGCATG TCTGACCAAA TGTCaATACA ATACCTGAAT 60  
 AATGATTTCT GGAGTAATTG CGAAAAATAT TTAAAAGTTG CTATAGATCA ATTTTCAAAT 120  
 TATAGTATCT CATCTCAAGT TTCTAACTAT CATTTACAG TATTACTTGG AGATCGCCAA 180  
 AAACCACTTA TGTATCTAAA TAAAAATCGC GGTGGTGATG GTGGCATAcc AGGTTATATT 240  
 ATGATTTATT TAGTGCCGAG TACAAGTACA ATTAATTCTA TGAAAAGCTT AATTGCACAT 300  
 GAAGTAAATC ATAATATGCG CTATCAATAT ATTGATTGGG ATGGCGGAAG TTTGATTGAA 360

ATTGGACCGT GGGTAACAAA TACTAATTGA AGTCGTGATA ACGTAAAAAT TAAAAATACT 480  
 ATTTATAATC ATTTACATTT AAAGCATATA TTTGAATCGA tGCCTTATCT CTATGGTGAT 540  
 5 GATATTAATA AACTTCAAGG TAGGCCTATC GTTGGCTTAT CTCATGCTGC CGGGTATGCA 600  
 TGTGGCTATC ACTTGGTAAA ATACTTTTTA CAAAAACAA ACATACCTAT TGAAGTTGCT 660  
 ACAACACTTC CAGCACAAAA AA 682

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 441:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2574 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 441:

ATCTTCTTTT AACATGACAA ATTGCAACAA AATATTAATG ACGCCAAAAG ACATTTTTC 60  
 ACGTTCAATT AATTCTTCAA CCATTGTCTT TTGCGATATA GTTGGTTCTG ATTCAGACCA 120  
 25 AGAAGCTAAC ATATCAATTG GACTCGTTTG TTCAAGTAAC TCAAACCATT CATCACTTTG 180  
 TGGCTTTGGA TTCACCTTCTG AAGATTTGCC CGCCGAAGAT GATGTAGCAG GAGATTTTAC 240  
 CTGTAATTTA GGCATTTGAT TTTCGTGTTT CATTAAGTAA TACGAGCGTG CTTGTTTACG 300  
 30 CATTTCTTCA AAGGATAACT GTTGTCCACT TGTAATTGAA TTTAAAATAA CATGCTTCAT 360  
 GCCATCTGCT GTTAAACCAT ATAAAGTCGC GAGTTGTGTA ATTAAACGCT TTGCATCTTT 420  
 GGTAACAATG TCTTGACTAA TAAAATGTTT ACCTAACATT TGTCTCAACA TTTCAAAGTC 480  
 35 AAAAGATTCA TTTGATAAAT CGATACCTTG GTACGGTTCA TTAATCGGaa TATCACTTGT 540  
 ATCGATATCT ATTTTGTAG ACGGCACTTT AAAAACATCA GTAAATTGTC TTGTTACCTG 600  
 40 TTTAAATTCA CTCAAATCAA TTTGTTGATA CTCAAAGTAT TTCTTCAACT CATGAAATCG 660  
 ACGATGCTCG ACTTCACTAT ATAAAAAGAT TGACAACATT GGATCATTAA AAAATAAATG 720  
 TGCTGAAGGG GtTGaATTAA TTGGTAAACA AATTGTGTTT CTTGTTCATC ATGTTTGACA 780  
 45 AACGCCTTTA ACAATCCAAT CGCTTCAAGT AAGTCCATTT GTTGTCTAAA CTCTAGTAAA 840  
 TTAATTTTAA GTTCATTCAT AAAAATATAA TGAGAAAGAA TCAATGTTTC ATTATGACTT 900  
 TCTTTAACGA ATTGAGTCAT AAAATGATAT AAACCCACTG CTTGCGTTCC AATTAGCGGT 960  
 50 GTATACAGTC GATTCAATAC CTCTAAATGA TTCGTATTTA AATCAAAGTG TTGCATAACT 1020  
 TTGAATTGAT CCTTTGGTCT TAAGCCGAAT TCGAAGGCTT GTCGTCCCaT TTAAGCnATC 1080

AAATTCTTTA TAGACTGATG CAAATCTAAC ATATGAAACT TGATCAACAT GCATTAACAA 1200  
 GTTCATAACG TGTTACCTA TATCTCGTGA AGACACTTCC GTATGACCTT CATCTCGTAA 1260  
 5 TTGCCATTCA ACCTTGTTAG TTATGTCTTC AAGTTGTTGA TATCTAACTG GTCGTTTCTC 1320  
 ACAAGAACGC ACAAGTCCAT TAAGTATCTT TTCTCTTGAA AACTGCTCTC TTGTGCCATC 1380  
 TTTTTCACA ACTATAAGCT GACTAACTTC GATATGTTCA AATGTAGTGA AACGTGTTCC 1440  
 10 ACAATTTTCA CATTCTCTTC GTCTTCGAAT GGCATTTAAT TCATCGGCAT GCCTTGAATC 1500  
 TACAACCTTA GATTGTGTAG AATTACATTT CGGGCATTTT ATTACATCAC CCTCTTTATT 1560  
 TTGATTATGC CTAATTATAC TATAAATCTA GAGATGAAAA AAGAATCCCT CAATTTAATT 1620  
 15 CATTTAACCA AATAATGAAA CAATAAAAAA CATTATATCG TTACTTATTA AGTAATTTGC 1680  
 ATGACAATAT TATTGTATTA AAAATAAAAA ACCTAACTCC GAAGTCAGAG TTAGGCTATA 1740  
 AATTAATTGT ATTAACCTGC ACTTACAGTT TCTTTTGATG TCAAAAGTGC TCCAATTTGC 1800  
 20 TCAGCAACAT CTACAACTCT ATTTGAATAA CCCCATTCAT TATCATACCA AGCAATAACT 1860  
 TTTACTTTAT TCCCTGACAT GACCATTGTT GATTTTGCAT CAATAATAGC TGAATTTGGA 1920  
 25 TTAGTATTAA AATCAACAGA CACTAGTGGT TGATGTTTGA CTTCTATGAT ACCTTCTAAA 1980  
 CCTGCATTTT CAAAAGCTTG GTTTACTTCT TCTGCAGTTA CTTCTTTTTC TAAATCAACA 2040  
 ACTAAATCAA CGAGCGATAC ATTCTTTGTT GGTACACGTA ATGCCATGCC GTGTAATTTA 2100  
 30 CCTTCTAATT CTGGTAATAC TTCTTTTAAA GCTTTCGCCG CACCAGTAGA AGTAGGAATA 2160  
 ATGCTTTCAT TACATGAACG TGCACGTCTT AAATCTTTAT GTGGATTATC AATATTTTTT 2220  
 TGGTCATTTG TAATAGCGTG AACAGTAGTC ATTAAACCAT TAACTATTCC AACTGATTA 2280  
 35 TTTAAACTT TTGCAACTGG ACCAATGCAA TTAGTAGTAC ATGAAGCATT ACTAAAAATG 2340  
 TCAAATGCTT CTATATCTAA TTGGTTATCA TTTACGCCTT TAACTACCAT TTGAACATGT 2400  
 CCACCTTTTG nAGGACCAGT TAACAAAAST TTTtTGGCAC CTGCTTTAAT ATGTGCGATG 2460  
 40 GCTTTATCAC CATGaTTAAA TTTACcAGTT GCATCTATAG CAATATCGAT ATCTAATTCT 2520  
 TTCCATGGCA AGTTTTcAGG ATTGCGATCA GCAACCAATT TAATTTTATG ATCT 2574

45 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 442:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3326 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 50 (D) TOPOLOGY: linear

55

	CAAGGTACCG	GTTTAGGTTT	GTTCAATTTGT	AAAATGATTA	TCGAAGAGCA	TGGTGGTTCC	60
	ATAGATGTTA	AAAGCGAATT	AGGGAAAGGC	ACAACATTTA	TTATTAACT	ACCAAAACCA	120
5	GAATAAAATT	GAATATAGTT	ATTTGAGAAC	GCATGTTATT	GATTAGAGAC	TCTAATTTAT	180
	AGCATGCGTT	TTTTGATTGA	TGTGGGGAAT	TTTGTATGTG	GATTAGAACT	TAGGGTTTTT	240
	GCGAATATCA	ACTATTAAAT	ATATTACTAA	TTTATACAAA	AATATAAAGT	TTGATAAAGT	300
10	TATTTATTTG	ATTATAAAAA	TAGGGTAAAA	TATAGATATA	TTGTATTAAT	TAAATTATTC	360
	GAGGTGTCAT	ATGAAAAAAT	TCATTGGATC	AGTTTTAGCT	ACGACATTAA	TTTTAGGGGG	420
15	ATGTTCCACG	ATGGAAAATG	AATCAAAAAA	AGACACAAAA	ACAGAAACAA	AATCTGTACC	480
	AGAAGAAATG	GAAGCTTCAA	AATATGTAGG	CCAAGGCTTC	CAACCGCCTG	CAGAAAAAAA	540
	TGCGATTGAA	TTTGCGAAGA	AGCATCGTAA	AGAATTTGAA	AAAGTAGGTG	AACAATTCTT	600
20	TAAAGATAAC	TTTGGACTAA	AAGTTAAAGC	TACAAATGTT	GTAGGTAAAG	ATGATGGTGT	660
	AGAAGTTTAT	GTGCATTGTG	AAGATCATGG	CATTGTATTT	AATGCAAGTC	TACCTTTGTA	720
	CAAAGATGCC	ATCCATCAAA	AAGGATCAAT	GCGCAGTAAT	GACAATGGTg	ATGATATGAG	780
25	TATGATGGTG	GGTACAGTGC	TGAGTGGCTT	TGAATATCGA	GCGCAAAAAG	AAAAGTATGA	840
	TAACTTATAT	AAATTCTTCA	AAGAAAATGA	AAAGAAATAT	CAATATACAG	GCTTTACAAA	900
	AGAGGCAATT	AACAAGACAC	AAAATGTCGG	ATATAAAAAT	GAATATTTTT	ATATTACATA	960
30	CTCTTCTAGA	AGTTTAAAAG	AATATCGAAA	GTATTATGAA	CCACTGATTC	GAAAAAATGA	1020
	TAAAGAATTT	AAAGAAGGAA	TGGAACGAGC	AAGAAAAGAA	GTGAATTACG	CTGCAAATAC	1080
35	AGATGCTGTT	GCTACACTTT	TTTCTACTAA	GAAAAACTTT	ACTAAAGACA	ATACAGTAGA	1140
	TGATGTAATC	GAAC TAAGTG	ATAAATTATA	TAATTTAAAA	AATAAACCAG	ATAAATCTAC	1200
	AATCACAATA	CAAATAGGGA	AACCCACTAT	TAATACTAAG	AAAGCCTTTT	ATGATGATAA	1260
40	TCGTCCAATA	GAATATGGGG	TGCACAGTAA	AGATGAATAA	AATTAATGAT	AGGGATTTAA	1320
	CAGAATTAAG	TAGTTACTGG	GTTTATCAAA	ATATTGATAT	AAAAAAAGAA	TTTAAAGTTA	1380
	ATGGAAAAAG	GTTTAAACAA	GTAGACAGTT	ATAATGATGA	TAAGAATAGT	AATTTGAATG	1440
45	GTGCTGCTGA	TATTAAAATA	TATGAGTTAT	TAGATGATAA	AAGTAAACCA	ACTGGTCAAC	1500
	AGACAATAAT	TTATCAAGGA	ACATCTAATG	AGGCAATTAA	TCCAAATAAT	CCATTAAAAT	1560
50	CATCGGGGTT	TGGAGATGAT	TGGCTCCAAA	ATGCTAAATT	AATGAATAAT	GATAATGAAA	1620
	GCACAGATTA	TTTAAAGCAA	ACAGATCAAT	TATCAAATCA	ATATAAAATA	AAGTTAGAAG	1680
	ATGCAGATAG	ATTATCAAAT	AGTGATTTTT	TAAAAAATA	TAGAATGGAA	TCAAGTAACT	1740

55



ATCAAGGAGC GAAACATCCG AATGAAAAAG TTGTTGCTAC TGA CTCAGCA ATGATTCCTT 1860  
 ATGCTGCTTG GCAGAAATTT GCTAGACCAC GCTTTGaTAA TATGATTAGT TTTAATAGTA 1920  
 5 CCAACGATTT ATTAACATGG TTACAAGATC CATTCaTCAA AGATATGCCA GGAAAACGCG 1980  
 TTAACATTAA TGATGGTGTG CCCAGGTTAG ATACTTTAAT AGACAGCCAT GTAGGTTATA 2040  
 AAAGGAAGTT AAATAGAAAA GATAACACAT ACGATACTGT ACCACTAATC AAAATAAAGT 2100  
 10 CGGTAAAAGA TACAGAAATT AAAAATGGAA AAAAAGTAAA AAAGACTATT AACATAACAT 2160  
 TAGATATGGA TGGGCGAATT CCAATAAATG TTTGGACAGG AGATTTCGATT GCACGTTCTG 2220  
 GAAGAGGAAC TTTAATTAAA CTTAATTTAG AAAATCTTGA TCGTTGAGT AAAGTATTAA 2280  
 15 CTGGTGAAAC AAGTGGTATG TTAGCAGAAT GCGTAATCTT TTTAAATGAA AGTTTTAACA 2340  
 TCTCAGAAAA TGAAAATAAA AATTTTGCAG ATAGAAAGAA ACAATTATCA GAAGGATTTA 2400  
 20 AGGATAAGAT TAACTTATTT CAGTTAGAAG AAATGGAAAG AACTTTAATT AGTAAAATAA 2460  
 ACTCACTTGA AGAAGTTGCA GATGAAACAA TAGAAAGTAT TAGTGCTGTT AAACACTTAT 2520  
 TACCTGATTT TGCATTGGAT GCATTAAAAG AAAGAATTAA TGAGTTGTTT AAAGGTATAA 2580  
 25 AATCTTTTAT AGAAAAAGTG TATGATAGTA TAGATAATGA AATTTTAGAA ATTTTCAAAA 2640  
 ATATAGATCA CGACTTCAGA GATGGAGTAT CTGAAGAAAT GATGAAACAT TTGAAAGTAG 2700  
 TGAAACAGAA TATAGACCAA ATAAAAAATC AAAATGATAT TTATGGTAGG CAAATTGCAG 2760  
 30 ATATTAGAAG TATTATGAAA CAACAAGATG CAACAATTTT AGATGGAAAT TTTCAAATTA 2820  
 ATTGTAGCGG CGAAAATATG GTACAGGGTC TAGTTATACC TTCTAATTAT TTAGGAAGAA 2880  
 AAATGAAAT ATTAAGAC CATATCGATG ATGGTATTAA AAAAATAGCA GACTATGTTC 2940  
 35 AAGGTATATA TGATGAATAT GCATCGAAAA TTGTCGATGT AATAAAATAT TTGATTAATA 3000  
 CAATTCCCAA AATACGTAAG AATTTAAGAC ATGCAATTGA AATGTTAAAT GTAAAAAAGA 3060  
 40 AAGAATTTTT GTCCCTGATT CCTAATGTAA CTTGTAATTA TATTAAACT AAATTAGAAG 3120  
 AATTAGATAA TACTTTAGGC AAATGGGAGC CTTTTCTTAA TGATTAAAA GCAGTGTCAC 3180  
 CAATTTTGA TAACCATTTA GATGATATTG TTAAGAACAT GAAGCCTTTG ATTGTACAAA 3240  
 45 TGAYATWTGA ACCATCACAT TATGaCGATA TGTTTAATTC aAGAAAAGCT TTAACGcCAG 3300  
 TGTTCTCAAG CGTTTTATAA AGGTTG 3326

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 443:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 5301 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 443:

5	ACCTATAGCT GGCCCGTCAA GTCCTGAATC ATATGTCGCT ATAAACCCAG TTGCATGCCC	60
	AGCAATCTCG GTTTC AATTT CAAAATCATG CTCTTTCAAA CGATCTATTA AAGTTCGAGA	120
	CGCAAATATT TCTTCATTAC CAAGTTCAGG ACGTTCATGA ATTCTATGAC TGATTTCGAT	180
10	ATAACTATAT TTATTTGTTT CTATATAATC GAGAATTTGT TGTTTTTCAC TCATTTT TTA	240
	CTATCTCCCT TTTACCCTAC ACTCATTTTA ATCATCCACA ATATTTTGTT CTTTCAAAAT	300
	GAATTATTAC TTATTCTATC GGTTTTATCT CATGATGTCA TCTAGTTTTT CTTTATTTAC	360
15	AAAATTTTCT AATAACTAAA aGCCTTTCAT AAATTTATAA AACAGTTTCA AATTGTAAAA	420
	CATAAGCCCT ATTGTTACAA TTTAAGTATT GTTAGAAACA CAACTTACAA CAAACTTAAG	480
20	TTTTATAATG CAACAAATCA TAAGCGTTTT ATAGTTTTGA GTAGTTAATA GGAGGAAATT	540
	CAAAATGACA AAAATGAATG TTGAAAGTTT cAATTTAGAT CaTAcTAAGG TGGTTGCCCC	600
	ATTTATTAGA TTAGCGGGAA CGATGGAAGG ATTAAACGGA GATGTCATTC ACAAATACGA	660
25	CATTCGTTTC AAACAACCAA ACAAAGAACA TATGGATATG CCCGGACTAC ATTCATTAGA	720
	ACATTTAATG GCTGAAAATA TTAGAAATCA TAGTGACAAA GTTGTGATT TAAGTCCTAT	780
	GGGTTGCCAA ACTGGTTTCT ATGTATCATT TATTAATCAT GATAATTATG ATGATGTATT	840
30	AAATATTGTT GAAGCAACTT TAAATGATGT GCTAAATGCT ACTGAAGTGC CTGCTTGTA	900
	TGAAGTACAA TGTGGCTGGG CAGCAAGTCA TTCATTAGAA GGTGCTAAAA CTATCGCTCA	960
	AGCATTTCTA GACAAACGAA ACGAATGGCA TGATGTTTTT C GTACAGGAA AATAAATCTT	1020
35	AGTCAATCAA GTTAATCAGA AAaGCAGTCG AACAATGATT TTACAATCGC CATTGTCCAA	1080
	CTGCTTTTTA TTATGCTTCA AAGTCAAAAA ATCGAACAAA TGAAAAAGTA AAATCTTTAA	1140
40	CATTTGTCCG ATTTATTTGA GAACCACTAT AATTTCTTAA TTAGTCCCAT TAACACGAAC	1200
	TGCATAGGTA ACCTTAAATA TAGTTGCCAT GTTGGCAATT GTTTATCTCC TAAAGGTAAC	1260
	TTTTTAACTG CCATATAGAT ATTAGCTGGG AATACAGCTA GCAAGAATAG ATTGATTGTA	1320
45	TTTTTCAAGC ATTGAGATGG TCTTTTAATT AAAAGTGCAA GTCCAAATAA TATCTCAAAG	1380
	ATTCCTGTAA CAAGAACCGC TGTTTTTCGA AGTGGCAAAC ATTTCCGTAT GATATTTCTA	1440
	AATTGTCGTT CTCGTGTAAA ATGCAATACA CCTATTACAC TAAACCTAT TCCTAATAAA	1500
50	TATCTTAGTA TGTTCAATCA GCTTCAACTC CTATTCTGTA ATGATTTTAT GAATTAATGT	1560
	AGGCGATACA ACATGaTCAG CAATTGTTAT GCTTGAATCT AATTTTTTAA CAACATCGTC	1620

55

	AATTTT	TTTAA	TACCA	TAAAT	TCATC	TTGTT	1740
	TCCCG	AACAT	AAGCG	TATAT	GAGAC	CAGTC	1800
5	ACCTG	TTAGC	ATTCA	ATATT	TGTGG	GCTCT	1860
	GTCAAT	GTTTC	CACCT	TTTAAT	GTTTT	TTTCT	1920
	TGCAC	TTAAT	CAATT	CGCTC	TCTTC	TTTCAG	1980
10	GTTTG	ACAAC	GAGAA	TGTTA	AGTTCT	AATCT	2040
	ACCTT	TTCAAC	CAATT	TTGTA	AGCGC	CAATC	2100
	TCCAAG	TGATT	CAGAA	CGCCAT	TTACG	CATTAT	2160
15	AATAC	ATTGC	CTAAT	AGCAT	AATGT	TAAAT	2220
	GCTAC	TTTAC	ATACA	ATCTG	GCAGC	TTTTAC	2280
20	AATTG	GCAAT	GTATT	GACAG	GTAAC	TTAAG	2340
	TAATT	TCTGC	TTAAAT	TGATT	ACAACT	CTTTAT	2400
	ATTAAC	TTCAAA	TTGCT	TATTT	TGAAA	CAATT	2460
25	TAATT	ATCGT	CTGTAT	TAATC	CCACT	TTGCA	2520
	AACAT	GCTGCT	ATGGT	AACCA	GTTGT	CTACAC	2580
	TGTTG	TTATCT	TGACAC	AATAT	AAATC	TATCAC	2640
30	ATTAAC	GCCAT	ATGCT	CTCAT	TTCAT	GGAAAT	2700
	CGCCAT	AAACT	CTTGG	AGGAAT	CCTTT	AGCCG	2760
35	AAAGAA	ATTTCT	TTGTT	ATGAC	CGCTT	CAATA	2820
	TATCAT	ATTTT	TCCTT	AAAAA	GGACA	TCTGC	2880
	CTCTAG	TTTTT	CACAAG	AATTAT	GCAAG	GATTT	2940
40	TTAAT	AATTT	CGATG	ATTCT	AGATT	TAACG	3000
	GTCCCT	AATTAT	GAATC	GGCAT	ATGCT	GCTGA	3060
	ACATA	ATATG	GATGT	GCTTA	TTTTA	TTAGT	3120
45	GAATC	CTAAAC	CATAAT	ACGCCT	TCGCAC	ACGTG	3180
	CCTGCT	CCATTT	GAAAT	AAATT	CGCCAC	TGCTT	3240
50	TCTAT	CACCT	ATCTT	AATTT	CTTCT	CGCAC	3300
	CCTGCA	CTGTT	TTTAA	TCCGC	CCGCT	TAATT	3360
	GCTTTT	TTTCG	GTCCA	ACCGT	TAATC	TACTG	3420

55

	TTTAATGCGC CGATGTTGAT GACCATGTCA ATTCATCTG CACCATTTTG AATCGCATCT	3540
	TCTGTTTCAA ATGCTTTCGT CGCAGTTGTC GATGCACCTA ATGGGAATCC TATTACCGTA	3600
5	CAAAC TAACA CCTCTGAATC AGCTAGTCGC TCTGCTGCAT ATTTAACATG CGTTGGATTC	3660
	ACACATACAG ATTTAAAATG GTATGCTTTC GCTTCATCGA TGATTTGATC GATTTGCGTA	3720
	CGTGTTGACT CAGGCTTCAA TAAAGTGTGA TCAATCAATT TTGCACTATT CATTTCCTAT	3780
10	CTCCTCCTTT ATGGTTGATT ATAAAAATAC GGTTGTAAAT TAGTTGATTG AGCGTCAGGT	3840
	TCATTTAAAT ATCAGGTTAG ATGTTGCTT TTTATGTAAC CGCATACATA TACTATTACA	3900
	TTAATTCATT TCCCATAAAC AAACAATACA ATTGAACGTG ATATCTTCAT TATGAACGAT	3960
15	GACTTGACAA CAAGCTAATC AGGATTATAT TTTTATAATT CTTTAATTCT ATAGTACAAA	4020
	AATTCGCAAA AAAGGGAAAC AAATGTTATC TTAAAATTAT TAATGAATAT TAAGGAGAAG	4080
20	ATAACAAATG ACAAAGGTA CACCACATAT TCAACCAAT GGAGTAAAAA TTGCTAAAAC	4140
	AGTATTAATG CCTGGCGATC CGCTACGTGC AAAATATATT GCTGATAATT TTTTAGAAAA	4200
	TGTTGAACAA TTTAACGATG TACGTAACAT GTTTGGTTAC ACTGGTACAT ATAAAGGTAA	4260
25	AGAAGTTTCT GTAATGGGTT CTGCTATGGG TATTCCAAGT ATTGGTATTT ACTCATATGA	4320
	GTTATACAAC TTCTTTGATG TAGATACAAT CATTTCGTATC GGTTCTTG TG GCGCATTACA	4380
	AGAAAATGTT AACTTATACG ATGTTATTAT TGCACAAGCT GCATCAACTA ATTCAAATTA	4440
30	TGTAGATCAA TACAATATTC CAGGTCATTT CGCGCCTATC GCTGACTTCG AGTTAGTAAC	4500
	TAAAGCTAAA AATGTCGCTG ACCAAATCGG TGCTACTACA CACGTAGGTA ACGTATTATC	4560
35	TTCTGATACA TTTTACAATG CCGATCCAAC ATTCAATGAT GCTTGGA AAAA AAATGGGTAT	4620
	TTTAGGTATC GAAATGGAAT CAGCTGGTTT ATATTAAAT GCGATTCATG CTGGTAAAAA	4680
	AGCACTTGGT ATTTTCACAG TAAGTGATCA TATTTTACGT GACGAAGCTA CTACACCTGA	4740
40	AGAACGTCAA AATTCATTTA CACAAATGAT GGAAATCGCT TTAGAAATCG CAGAGTAACT	4800
	TATTTAAATT GACTTTAATT GCTCTTTAAC AATGCGATTA AACTCAAAAA GCCAACACAT	4860
	TCTGGGCGTA TCCCCATTTA TGTGTTGGCT TTTATTTATA TTATTACTTA TCTGTAGATT	4920
45	AGCTTAAGTA AGATTTAAAC ATCCAATTAT GTTTATCTAC TGATGTTTGC ATACCTATAA	4980
	ACATATCTTC TGATACATCA TCGCCAGCAT TACCAGCAAT TTCGATTGCG TTTTCTAATT	5040
	GTTTTGAGAT ATTTGTGAAG TCTTGTGATA ATTCTTCAAC CATTTGTTCT GCAGAGTAAC	5100
50	CTTTCGCAGC TTCTTTAACA ATTGATTGCT CTAAGCATTG AGTTAATGTA CCTACAGGGT	5160
	TTCTCCTAC CGCTAAAATT CTTTCAGCTA ATTCGTCTAC ATATTGGCTT GCTTCATTAT	5220

55

AATTGTGTAG CTTTGTGTAA G

5301

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 444:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 11466 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 444:

15	GAAGATGAAA GCTATATTGA AGATGATGTT ACTAAAAAGG AAGCTATTTT AAGTATGCAA	60
	ATTCCTAAAG GTTCTCTCA AAAATTAAAA GAGAACCGTT TAAAGAAAC GATACAGTTA	120
	TATGGTAGAG ATGACTTTAT AGGTGGTATT GCTGTAGAAA TTGTTAGTAG TTCATTATAT	180
20	GAGCAGCAAA TTCCTAACAT TATTTATGAA CACCTTGAGG ATATGAAACA GCATCAATCC	240
	ATCGATGCTA TCAACAAGTC CTATCATAAA CACACCTG AATCTAAAT CAAATTGTG	300
	TCGCTTACTA AACAAGCACA AACTCTATT TCAATTAGCT TAATCTTGC GGTGATTTTA	360
25	TTTGTTAGCG CTGTTCAAGT AGTACTTCAT TATCGTTTAA ACCAACAAGC AGCATTGCAA	420
	CGATTATCAC AATATCATTT AAGCCGTTT CAACTATATA GTACTTATGT AATGACACAT	480
	ACGATTTTGT TATTGTTGGT ACTATTGGCA GTTAGTCTAT ATTTGTCTCA ACCACTCAGC	540
30	TTAATATTTT ACTTAAATC ACTGTTACTT ATATTGATTT ATGAGATAGG TATCGTCTTT	600
	ATCTTATTCC ATATTCAAAC AATAAGTCAT CGATTATTCA TGACATTTAT ATATGCACTT	660
35	GCTATGGGTA TCGTATACTT GATTATTTTC ATGTAAAGGA GCGTAACTGA TGATAGAAAT	720
	TAATAACCTT TCAAAGCGTT ACCGTAACAA ACAGATTTTC AATCATTTAA CTATGTCCTT	780
	TGATAGTAAT CGTTAACCG TATTACTTGG TGATAATGGT GCTGGAAAAT CAACATTACT	840
40	TCGTATGATT GCTGGTATTG AAAAAGCTAA TGATGGAAT ATCAACTATT TCGGCGAAAA	900
	ATGGAATCAA AGACAATAAC AAAATCACAT CGGTTATGTG CCACAAGACA TTGCGTTATT	960
	TGAACACATG ACAGTGGCTG AAAACATTAA ATTTTTTAAA TCACTTTGTA AAAATCCAAT	1020
45	TAACGATACA ACTATCAACG AATATTTACA GCAATTAAAC TTTGATGATA CGTCTGCCAA	1080
	AGTATCTACA TTGTCCGGTG GGAATAAAGC TAAATTAAT ATATTAGTAG GTTTACTAGG	1140
50	TCAACCTCGA ATTCTCATTT TAGATGAACC GACAGTTGGT ATTGATTTAA AATCTAGACA	1200
	TGACATCCAC CAACTACTTA ACATCATGAA ATCTAAATGT TTAATTATAT TAACTACCCA	1260
55	TCATTTAGAT GAAGTTGAAG CACTTGCAGA TGATATCAAG TTAATTGGCC AAGATCCTTT	1320



	CCCAAGCTGC GTATGATATC GCAACTTGGG ATTTTCTGTA TTATCTACTT TGCAAGTATG	1440		
	ACGTTGGGTC TACTGCATAT TGATTACCGA TGCCACCAGA CATACGTTGG AAGTGTACGT	1500		
5	GAGGCGCTGT TGAATTACCC GTACTACCTG AATATGCAAT TTGGTCACCA GCTTTGACTT	1560		
	TATCACCAGC TGAAACAGTT AAACGATTAT TATGCATATA CCATTGGTAG TTATTACTGT	1620		
	TCGCTTCTTT AATCGTTACT TGATTGCCGC CACCATAGTT ACTCCAACCT GCTTGTACTA	1680		
10	CTGTACCATC AGTTAATGAG TAAACTGGTG AATTTTCAGG CATTGCATAG TCGACACCGT	1740		
	ATGCGCACC ACCACCGTGA TATTGTCCAT ATGGTTGTAG TTGTTTACGA CTGTGTTAACC	1800		A
	GCTTGCGTC TTTCGCATGA CCACTAGCTG TCGCTTTACT TGCTGATCCA CCATTTTGAT	1860	15	A
	AGATGTGCC ATTAGGATAA TTGACCTTTC CATTACCATC ATGGCTGTTA TACGCTTGGT	1920		T
	GTTGTTACT ATGTGAATAA TAGCTCGCGT CTGGACCTAC ATTTGATTGA TAACCATATT	1980		T
	ATTAATATG CTGTTGGCTT TGA CTGCTG TG TAGTCATT GTTATCTCCT GCTGTTGCTG	2040	20	G
	ATTCACATA TGTTTGGCCG CTTCCATTGG CATTGTCATT TTTTGGATAA CAGTTATAAA	2100		G
	ATAATGCGT ATGTCCTTGA GCATCTACGA ATGTATAGCT ATATTCTTTA TTATCAAACA	2160		A
	TGCTTGATT CCAGTTACCA TCAGGTGTGT GATGATAATC CCCATTAGAA TCAATTGTAT	2220	25	T
	ATAAGTACC ATAAGATACG TCTTGTGATT GTGTTGACAT TTGTGTATGT GCTTGTGTTGG	2280		A
	GTTTGTGCT TTCTGCTGCA TCTGCTTGAT GCGCCATTGT AAATGTAGCG AASCCATCGT	2340		T
	GCAATCGCT GCTGCTGTTA ATTTTTCAT GTATAAAACA TCCTCCATTA AAGTTAAAGT	2400	30	T
	AGTTTTCAA TTAAACTGTA CTGCACATAC TAAAAGAATT AGACAACTGA GTAAAGGATT	2460		T
	AATTCTCAT TTCCAACTA TTTAATATTC CCGAAATGTT TTAATAACT CATTACATTG	2520	35	T
	CATTACAAA ATAGCCATAC ATTGATATTA AAATGACATC TCTCACTGCA TTCGTTTAAAC	2580		T
	TTTTATAAA TTTTCAAAT TAACAACTAA TCGTTCGTCC ATGTTGCGCA TTCAACGCTA	2640		C
	TGCATGATA GTAATCATCC ATCAAATCAT ATCAACCAAA TTCCATTATC AATCGCTATT	2700	40	A
	ATTGTCATT CAACTTTCTA ATAGTGATAT GCTTCTCAGG CTTAAAAATC GTCATATCTT	2760		G
	TCTATTAAT TAAATCATCT GTGAGCTTTA ATGCTACTAA TTCATTGCTG CCATAATACT	2820		T
	AATATATAA CGTTCTTGTA GTTAAATTTA TTACGGTCTG ATACATCGTA TAGTGATTGT	2880	45	T
	AGCATCATG CGGACGTACA ATTCCAATCG GTATATTTAC CGCATCTAAT AAATAAAATG	2940		C
	ATTCATTAA ATCCATTCTT TTATCATTGT TTTGAGCAAT GTTTGCTTTC ATAAATGCCA	3000	50	C
	TCTCACAAA GCGCTCAGTT GAAGTAAATC CACCTGGCAA TCCAAATGTA CCTGCTTCAT	3060		T
	GCCTAAAGG TTCAATCGTT ACACCTTCCA ATAAATTTGC TGTGCTGGA TAAGGAGAAA	3120		T
			55	

	CACCAATAGG ATTATCTTTT ATAACCACTT CACCCTCTTT AAATGAACT TCGACTGTAT	3240
	GTCCAGTTGC ATCGGAAACA TGATAATGCA ATGGCGGAAC TTCACCGATG TCATTAAAT	3300
5	ATACAGCTAC AACATGTATT TGGGATGCTT GTTGTTTCAT ATCTTCAATG CTTGTTGTAT	3360
	ATCCCAAAT CCATGTCACA ATTTCATTTT GCGTAATATT CATCGCGTCC GCTTTGTGTG	3420
	TTGATCCATA TGAACATAA CCTCGGAAAT ATTGTGTTGA AATGGCAACG CcATGtCAT	3480
10	TAACACCATC ACCATAAATA AAACCTTCCA TATCTGTTCC TGTGCCAATA AAGCCATATT	3540
	GCGTTTGGCC TGTCGTGCCA GTGCAAGATT TCCAACGATA ATTTCTAGGC GTCAGTCTG	3600
	GCGAACCATC TAATGGATAA TCATAATCCA TCGTGCGTCC AAGAAGTACT TGATTATTTA	3660
15	AAGTTTGTAT TGTGAATCCT GTGCACATTG TTCTCACTCC TCTGTACCTT CATTACTTT	3720
	AATCACTTTC AAATAAAGCT GTTTCACCTA AACATACTAT AAAAAATCAA TTATACAAGC	3780
20	AATTAATTGA TATTCATTCT CAATAACTGT GGTATGATAT GTAAGGAAAT CATGACTTAT	3840
	GTGTGAGTGA ACGATCATCT ATACATCCGT TCACTTCATC TCATGACTTT CTATATTTAA	3900
	TTTTTACAAG GAGTGACATC TGTGAATAAC ACACAATCTT CACCACGCAG TAATATTATT	3960
25	ATTGCGATTA TGTTGTCTGC ATTAACATAT TGGTTGTTTG CACAATCATT TATTAATATA	4020
	GGACCTCTCG TTGGTCAAAC ATATCAAACC TCTCCTGCCG TGTTAAATTT ATCTATTAGT	4080
	TTAACTTCCT TCGCCACAGG TATCTTCATG GTGGCTGCAG GTGATATTGC TGATAAAATA	4140
30	GGACAACTGA GAATGACATA CATGGGTCTC ATAATCAGTA TGTTTGCATC TCTTCTATTA	4200
	ATTATATCGG ACATCACTGC ACTGCTCATC ATCGGTAGAA TTTTACAAGG TCTATCAGCA	4260
35	GCTATCTTGT TACCTTCAAC AGTTGGCGTG TTAAATAATC AATTTAAAGG AGAACATTTA	4320
	AGACGAGCGA TTAGTTATCT AATGATTAGT ACTGTTGGTG GCATCGGCCT AGCTGGTGTT	4380
	ATCGGCGGTT TAATTGCCTC AAATTTCCGA TGGCAAACGA ATTTATCAT TAGTATAGTC	4440
40	ATTGCTTTCA TTGCCATATT GCTTCTAAAA GGCACACCTG AAAAAGTAAG TCAACATAGC	4500
	CACCGTCATC CATTCGATTA CAAAGGTATG TCGATTTTCG CTGTTATGAT TGGTAGCTTT	4560
	ACATTATTGT TAACACAAGG ATTCGAACAA GGTGTTGTTA GTACATTTTC AATCATTTGT	4620
45	CTGAGCATTT TTATCaTCac TACGTTGATA TTCATCATCA TCGAACGTCC ACATGAAGTA	4680
	CCTTTTATTG ATTTCTCAGT ATTACGCAAC CGTCCGTTCA TTGGTGCATT TTAAATAAC	4740
50	TTTGTTTTAA ATAGCGGTCT AGGCGTAACA GTGGTCTTTT TCATATATGC TCAAACACAC	4800
	CTTGGTTTAt CAgcTGCGCA ATCTGGACTT GTTACATTGC CATATGCCAT TGTGGCAGTT	4860
	GCGATGATTC GTTTAGGTGA AAAAGCAACA TTACGTTTCG GTGGCAAATT GATGCTCATC	4920

55

	TCACAATATG TCATTGCAGT TATCATTGGT TTCGTCATAT GTGCGATAGG TAATGGTTTA	5040
	GTCGCAACAC CTGGACTTAC GATTGCAATT TTCAGTATGC CTAATGAAAA AGTTGGTTTA	5100
5	GCTACAGGAT TATATAAAAT GAGTGGTACA TTAGGTGGCT CCTTTGGTAT AGCACTAAGT	5160
	ACTACAGTTT TCAGTATGTT ACAACTAAAC TATGCACCAA GTGTAGCTGC AACCGTAACA	5220
	TTTATAGTCA GCATTGTATT GATGATCCTT GGCTCATTGT CTGCATACAT GATCATTCCA	5280
10	AAAACAGTTA AATCTTAAAT ATAATAGAAG AATTATGTTT CGAAATATCT TTATCACTTT	5340
	AAAATGATAT ACAAGAAATC CAAGAAAAAT AAGCGAACTG AATAAATAAA GATTCAATTA	5400
15	ACGCATCAGT ATTAGGATTC ACTCTAAAC GATTAATAGT TTTATAAGAA GGTGTTTGAT	5460
	CTTGAGCTAA CCACATCATT CGAATACTGT CATGAAGTAA TTTCTCTATT CTACGACCAG	5520
	AAAATACAGA TTGAGTATAT GCATATAAGA TGATTTTAA CATCATCTTT GGATGATAGG	5580
20	ATGTTGCGcC ACGATGATGT CTGAATTCAT CGAATTTGCT ATCAGGTATC GTTTCACAA	5640
	TTTCATTAAc ATGTCGCGAA ATATCATTTT GAGGAATTCT AACAGAAGTT TTTATTGGTA	5700
	GTGTAAGTTG GGCAAAGTGT CTTATTTTTT TAAAGTATTT CAAAGTAAAA TTACATGTTA	5760
25	ATACGTAGTA TTAATGGCGA GACTCCTGAG GGAGCAGTGC CAGTCGAAGA CCGAGGCTGA	5820
	GACGGCACCC TAGGAAAGCG AAGCCATTCA ATACGAAGTA TTGTATAAAT AGAGAACAGC	5880
	AGTAAGATAT TTTCTAATTG AAAATTATCT TACTGCTGTT TTTTAGGGAT TTATGTCCCA	5940
30	GCCTCTTACT CTAATTATAT TCACTATCAA TTAGACAAAA TGGCCATTTT CAAATATCAC	6000
	GCGTTGTTTC TGACCTTGAA TATATTTATT ATAATTCTCT TTTTGAAAAT CAGTTAACAT	6060
35	TAATTTAGAT GTACCGTATT TTAACACTTT TTGCATTGTT TCTATTCTCA TTTTCTAAA	6120
	TAACCATCCA TCTTTTAAcA CAATACGATT AACAGCATCA TATGATAATT CTACTGTTTC	6180
	TTTAATTTCA AATGTCTTGA ATGAAATAAT CGTGACATT AAAAACGTAT CACCAAAGTA	6240
40	ATAAACATCT AAATCATCAC GTTTATGTTG TCCAACTAAC AAACGACCAT ATTCGAACTC	6300
	TTTTTCTGGA TATTTCAATT CTAAAAACT AATAATCTCT TCTTCTTTTA ATTTGAATTG	6360
	CATTTAAAAA CATCCTCTCT TAAGTTTTAA CAAGCCTTAA TTAAAAATTT TTTCAATCAC	6420
45	ATAGTTCAAT ATACATCATT TCGTTATGTT TTTTAATACT TTGTTCAAAA ACAATATTT	6480
	TATTCTTTAA AATAATGACT TTTGTATTTT TAATCACAAT AAACATTTTA AAATTCTTGT	6540
	TATCATAATC ATTAAAAGGT ATTAACCTTA ATAATATATT CTCTCGTCTC AACCTTAATC	6600
50	GTATACTTCA GACGTCTGTT TGTAACAAT AAAAGTCATT CACGTCTTCA TATGTCATCA	6660
	AATGTTTATC ATGATATGAT GAATATAATA ATCGGGTATA TAACTGTATG ATTAATTACA	6720

55

	TGGTGTATCA GTTACAACTG TGTCACATAT TTTAAATCAT AATGATAGTC GTTTTTCCGC	6840
	AACAACGATA AAAAACGTAC ATGCTGTTTC AGAACGTTTA GGCTATGCCC CTAATAAACA	6900
5	TGCAAAACAA TTGCGCGGCA GTAAAATTCA AACTATTGGC GTCATTTTGC CTAGCTTAAC	6960
	AAATCCGTTT TTCTCAGCAC TGATGCAAAG TATTCATGAC CATAAACCAT CTGATGTTGA	7020
	TTTATGCTTT TTAACATCTA CAGCAACTGA TTTGTATGAC AATATTAAAC ATTTAATTGA	7080
10	TCGAGGTATT GACGGATTAA TTATCGCACA ATACATATCA TCCCCGGACG CCCTAAATAA	7140
	CTATCTAAAG AAACATCATG TACCTTATGT CGTACTGGAT CAAAATGACC ATCAAGGCTA	7200
	TACAGATTTT GTTCGGACAA ATGAATATCA AGGTGGACAA CTTGCAGCAC AACATTTAAT	7260
15	AGAACTCGGT CACAACCATA TGATAATTGT TGCACCATAT GACATGATGG CGAATATGTC	7320
	GACTCGTGTC GCTGGATTG TCGATACTTT GCGCGCGAAT CAATTGCCAG AACCACAAAT	7380
20	CGTCCATACT GAATTATCTA AGCGCGGTGG GCTAACCATT GTTGATGACA TCATGGTTCA	7440
	ATCTGCCACT GCAATCTTCG CTATTAACGA TGAACGCT ATTGGCATTT TACGAGGACT	7500
	AATTGAACAT GGCATCAGTA TCCCGAAAGA TATCTCATT AATAGGTTATG ACGACATTGA	7560
25	TTATGCAGCG TACGTCTCGC CACCTTTAAC TACTGTGGCA CAACCTATAA CTGATATTGG	7620
	CAAAACATCT TTAACCTTAT TACTTCAACG ATTACAGCAC TTAGATAAAT CCATTGATAT	7680
	GATTGAATTA CCAACGACTT TAAAAATTCG TGCAACAAC GGCTATCATC TTTCAAAC TA	7740
30	ACTACGTATC TTCCGAAATA TACTCATCAT TGTTAGGCC TTAGCGTTGC TTTAATGCTG	7800
	AGGGTTTTTA ATCATAATTA TTTTACTAAG AAATTAAAT AATAATGTAT GAATTTTTAA	7860
35	ATATGATTTA AACGTTTTCA GTTTTTATGA AAACGCATGC ATTTTACAAA TAAAAATGGT	7920
	ACGATGGCAC TGGTAAAACG TTTTACTAAA AACAAATCAT GAGGTGTATA ACATGAGCAT	7980
	TGTTGCATTA CTTATCGGGT TAGGCCCCCTT AATTGGCTGG GGCTTCTTCC CAACAGTCGC	8040
40	TTCAAAGTTT GGTGGTAAAC CTGTACATCA AATTATCGGT GCTACTGTAG GTACGTTAAT	8100
	CTTCGCTATT TTATTAGCCG TAGTCACATC AAGTGGCTTC CCTACTGGAA CCAATTTGCT	8160
	ATTCGCCTTA TTATCAGGTG CAGGATGGGG ATTCGGACAA ATCATTACAT TTAAAGCGTT	8220
45	CGAATTAGTC GGCTCATCTC GTGCCATGCC AGTCACAACA GCATTCCAAT TATTAGGCGC	8280
	ATCTTTATGG GGTGTCTTTG CATTAGGAAA TTGGCCAGGC ATTGGTCATA AAATCATTGG	8340
	ATTTACAGCT TTAGTCGTTA TTCTAATTGG AGCGCGTATG ACAGTTTGGA GTGAACGCAA	8400
50	AGAAGCAAGT AACGCCAAAA ATTTACGTCG TGCAGTGGTA CTTCTGTAA TTGGTGAATT	8460
	TGGATACTGG TTATATTCAG CTGCACCGCA AGCAACTTCT ATTGATGGCC TAACTGCCTT	8520

55

	AGCAGAGAAT CCATTCCGTA ATAAAATTAC GTGGTTACAA ATTATTTTCAG GTTTCTTCTT	8640
	TGCATTTGGT GCTTTAACAT ATCTTATTTT AGCACAACT AATATGAATG GTTTAGCAAC	8700
5	TGGATTTATT CTTTCTCAAA CATCCGTTGT GCTTGCTACA TTAAGTGGTA TTTATTTCTT	8760
	AAAACAACAT AAAACGTCAA AAGAAATGGT TATTACAATC ATCGGCTTAG TACTCATTTT	8820
	AGTAGCCGCT TCTGTTACAG TATTTATAAA ATAAGGAGTG TAGATGTCAT GAAAAAATCA	8880
10	GCTGTTTTAA ATGAACATAT TTCAAAGCA ATCGCGACAA TTGGTCATTT TGATTTATTA	8940
	ACGATTAATG ACGCTGGCAT GCCAATTCCA AATGATCATC GTCGTATCGA CCTAGCTGTA	9000
15	ACTAAAACT TACCACGCTT TATTGATGTC TTAGCTACAG TGTTAGAAGA AATGGAAATC	9060
	CAAAAAATAT ACTTAGCAGA AGAAATAAAA GAACATAACC CTACACAATT GCAACAAATT	9120
	AAACAATTGA TTTCATCGGA AATCGAAATC ATTTTCATTC CTCACGAAGA AATGAAAAGT	9180
20	AACTTAGCTC ACCCATTAAG TAAAGGTAAT ATTCGTACTG GTGAAACAAC GCCCTACTCT	9240
	AATATTGCAT TAGAATCGAA TGTTACTTTT TAAAAGTTAT AACTTGAAAG GAGCGTACAC	9300
	ATGACCAACA AAGTTGTTAT TTTAGGTTCA ACGAATGTCG ATCAATTTTT AACAGTTGAA	9360
25	AGATATGCAC AACCAGGCGA AACATTACAT GTTGAAGAAG CACAAAAAGC ATTCGGCGGA	9420
	GGTAAAGGTG CCAACCAGGC TATTGCCACT GCACGCATGC AAGCAGACAC AACATTTATT	9480
	ACTAAAATTG GCACTGATGG CGTTGCTGAT TTCATCTTAG AAGATTTTAA AGTAGCTCAT	9540
30	ATTGATACAT CATATATTAT CAAAACAGCT GAAGCAAAA CGGGCCAAGC CTTTATCACT	9600
	GTGAATGCAG AAGGACAAAA CACCATCTAT GTTTATGGTG GTGCGAATAT GACGATGACA	9660
35	CCTGAAGATG TTATTAACGC AAAAGACGCT ATAATCAATG CAGACTTTGT CGTGCACAA	9720
	TTAGAAGTAC CCATCCCGGC TATTATATCT GCATTTGAAA TTGCCAAGGC ACATGGTGTG	9780
	ACGACAGTAT TAAATCCTGC ACCAGCGAAA GCATTACCTA ATGAATTATT ATCATTAATC	9840
40	GATATTATTG TGCCAAACGA AACAGAAGCC GAATTGTTAT CTGGGATTAA AGTAACTAAT	9900
	GAACAATCTA TGAAAGACAA TGCCAATTAC TTTTATCTA TAGGCATTAA GACTGTTTTG	9960
	ATTACGCTAG GTAAGCAAGG TACATATTTT GCTACTAAAA ATCAAAGCCA ACACATCGAA	10020
45	GCTTATAAAG TAAATGCGAT TGATACAACT GCTGCAGGCG ACACATTTAT TGGTGCATTT	10080
	GTCAGTCGCT TAAACAAGTC GCAAGATAAC TTAGCAGATG CTATTGATTT TGGTAATAAA	10140
	GCGAGCTCAC TCACTGTACA AAAACACGGC GCGCAAGCAT CTATTCCTCT ACTAGAAGAA	10200
50	GTAAATCAAG TTAAATGAA TCAAACACAG CTATGATATG AAGGTTTAGC ATATAACATG	10260
	CAACATTCGT ATATCATGGC TGTGCTTTTT TATCTTTATA AAACATCATC TATTAGAAAT	10320

55



TTTGTAATCT TTtTAACTTC CAAATTaTCG CATATAAATA TGCTATATTA ATGATAATAA 10440  
 TTATCAATTA AAAGGAGGTT ATGCTATGTC TAAAGAAGCT GGTCATACAT TTTTAGCTAA 10500  
 5 ATTAGGAAAA ACTCGTCTAC GCCCCGGTGG TAAAGAAGCA ACAGATTGGT TAATACAACA 10560  
 AGGGGCATTT TCACAAGATA AACAAGTGTT AGAAGTGGCA TGTAATATGT GCACAACATC 10620  
 TATTTATCTA GCTCATACAT ATGGCTGTCA CATTCAAGGC GTTGATATAA ATAAGAAAGC 10680  
 10 ATTAGAAAAA GCACAGGAAA ACATTTcAGC AGCAGGTCTT GAATCATATA TTCAAGTTCA 10740  
 ACAAGCGAAT GCTGTtAAAT TGCCCTTTGA TGACAATCAA TTCGATATCG TTTTAAATGA 10800  
 AGCAATGTTA ACAATGTTAC CCATCGCCAT AAAGGAAAAA GCATTACGCG AGTACTACCG 10860  
 15 AGTCTTAAAG CCTGGGGGTA TCTTGTTAAC ACATGATATT GTCATCGTTA ATGAATCACA 10920  
 TGCCACACAT GTTGTTAAAT CATTATCTGC AGCAATTAAT GTCAATGTCT CACCGCAGAC 10980  
 20 GAAACTTGGC TGGTTAGATT TATATAATCA AGCTGGTTTT AATCATGTGC ATTATCATAC 11040  
 TGGTCCAATG AGTTTAATGA CACCAAAAGG TTTAATTTAT GACGAAGGTA TTGTTGGAAC 11100  
 TATAAAGATT ATCAACAATG CTTTGAAAAA AGAAATCGA CCAATGTTTT GTAAAATGTT 11160  
 25 TAAAACGATG ACTAAATTGC GTAAAGATAT GAATTATATT ACTTTTGTCG CTAAAAAAGA 11220  
 GCACTAAATA TAATGCCACT AACTGTACTT TGTATCTATG TTTGACTATC ACTTTAATTT 11280  
 CTTTGTGACA CTAATCATCT ACTTAACAAT ATCGTTATCG TTGATTAGTA AGTCATCAAT 11340  
 30 TTTGGTTAAA GACTTTCATA AACACTCAA CATTAACTACT ATACATAGTT AGTGGcATTA 11400  
 TTTTTTyCTn AAAATTTTAA CmTcMCGGGr TtGGGAmCrG AAaTGrtAwT TcGCrmAAcT 11460  
 35 TAwTcT 11466

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 445:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 40 (A) LENGTH: 2176 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 445:

45 TTACATAGTT AACACTAGTT AATCTATTAG TTAACATTAG TTAATAATTA GTTAATTTCC 60  
 50 ATTTGTATTc TCATGTGATA AATTCTAAAA GCATACaATA AATTTAATAT GTAAAAAGAA 120  
 AGGGAATACA CATGAAAAAT AAATATATCT CGAAGTTGCT AGTTGGGGCA GCAACAATTA 180  
 CGTTAGCTAC AATGATTTCA AATGGGGAAG CAAAAGCGAG TGAAAACACG CAACAACTT 240

55

	AAGTATTACA TCTAAAAGGT ATCACAGAAG AACACGTAA CCAATACATC AAAACATTAC	360
	GCGAACACCC AGAACGTGCA CAAGAAGTAT TCTCTGAATC ACTTAAAGAC AGCAAGAnCC	420
5	CAGACCGACG TGTTCACAA CAAAACGCTT TTTACAATGT TCTTAAAAAT GATAACTTAA	480
	CTGAACAAGA AAAAAATAAT TACATTGCAC AAATTAAAGA AAACCCTGAT AGaAGCCAAC	540
	AAGTTTGGGT AGAATCAGTA CAATCTTCTA AAGCTAAAGA ACGTCAAAAT ATTGAAAATG	600
10	CGGATAAAGC AATTAAAGAT TTCCAAGATA ACAAAGCACC ACACGATAAA TCAGCAGCAT	660
	ATGAAGCTAA CTCAAAATTA CnTAAAGATT TACGTGATAA AAACAACCGC TTTGTAGAAA	720
	AAGTTTCAAT TGAAAAGCA ATCGTTCGTC ATGATGAGCG TGTGAAATCA GCAAATGATG	780
15	CAATCTCAA ATTAAATGAA AAAGATTCAA TTGAAAACAG ACGTTTAGCA CAACGTGAAG	840
	TTAACAAAGC ACCTATGGAT GTAAAAGAGC ATTTACAGAA ACAATTAGAC GCATTAGTTG	900
20	CTCAAAAAGA TGCTGAAAAG AAAGTGCGC CAAAAGTTGA GGCTCCTCAA ATTCAATCAC	960
	CACAAATTGA AAAACCTAAA GTAGAATCAC CAAAAGTTGA AGTCCCTCAA ATTCAATCAC	1020
	CAAAAGTTGA GGTTCCTCAA TCTAAATTAT TAGGTTACTA CCAATCATTAA AAAGATTCAT	1080
25	TTAACTATGG TTACAAGTAT TTAACAGATA CTTATAAAAG CTATAAAGAA AAATATGATA	1140
	CAGCAAAGTA CTAATAAT ACGTACTATA AATACCAAGG TGCGATTGAT CAAACAGTAT	1200
	TAACAGTACT AGGTAGTGGT TCTAAATCTT ACATCCAACC ATTGAAAGTT GATGATAAAA	1260
30	ACGGCTACTT AGCTAAATCA TATGCACAAG TAAGAACTA TGTAAGTGAG TCAATCAATA	1320
	CTGGTAAAGT ATTATATACT TTCTACCAA ACCCAACATT AGTAAAAACA GCTATTAAAG	1380
35	CTCAAGAAAC TGCATCATCA ATCAAAAATA CATTAGTAA TTTATTATCA TTCTGGAAAT	1440
	AATCAATCAA AAATATCTTC TCTAGTTTTA CATCATTTTT TAAATAATTT TCGTAACAAA	1500
	CCGTGATTAA AAAGAACCGT TGATTCTCAA TCGAATCTAC GGTCTTTTTT TCATTTTCCA	1560
40	TCAATTAAAT GCTTCTTCGC TATTTGTCAG CCCACTTTTT TACCTGCAAC TTGTTAAATA	1620
	ATCCTTACAT CGTTAACGAA TAGTTCATCA TTTAGTTGAA TCAGCTCAAC TTTATTAACT	1680
	TCATATTTTC ACAAACTATT GCGCAATCCA TTCCTTTTCC ACTACAAGCA CCATAATTAA	1740
45	ACAACAATTC AATAAAATAA GACTTGCAA GCATAGTTAT GTAGCTATAT AAACGCCTGC	1800
	GACCAATAAA TCTTTTAAAC ATAACATAAT GCAAAAACAT CATTTAACAA TGCTAAAAAT	1860
	GTCTCTTCAA TACATGTTGA TAGTAATTAA CTTTAAACGA ACAGTTAATT CGAAAACGCT	1920
50	TACAAATGGA TTATTATATA TATGAACCTA AAATTAAATA GAAAGAAAGT GATTCTATG	1980
	ATTAAAAATA AAATATTAAC AGCAACTTTA GCAGTTGGTT TAATAGCCCC TTTAGCCAAT	2040
55		

CmTyCAAArG AcACaGACAT TACTAGCCAA CGATTTAGCT ATnACTCCAA ACCTTCCATT 2160  
 GGATTGGTA AAGGnT 2176

5 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 446:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1557 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 446:

15 AAAAGCATGG CTTAAATGAA GTACGCTATA ACAAATTACA AGAACATGCT ATTGTTATGC 60  
 ATCCGGCACC TGTGAATAGA GGAGTAGAAA TACAAAGCGA TTTAGTAGAA GCTTCAAAT 120  
 20 CAAGAATTTT TAAGCAAATG GAAAATGGCG TTTACTTAAG AATGGCAGTC ATTGATGAAT 180  
 TATTAAAATA GGTAAGGGGA CGAAAATGAT GAAATTAATT AAAAACGGTA AAGTATTACA 240  
 AAATGGCGAA TTACAACAAG CAGATATTTT AATTGATGGT AAGGTAATTA AACAAATTGC 300  
 25 ACCTGCAATT GAACCAAGCA ATGGTGTGTA CATCATAGAT GCGAAAGGTC ACTTTGTGTC 360  
 ACCTGGATTT GTCGATGTTT ATGTTCAATT ACGTGAACCT GGTGGTGAAT ATAAAGAGAC 420  
 AATTGAAACT GGTACTAAAG CTGCTGCTAG AGGCGGATTT ACAACTGTAT GTCCAATGCC 480  
 30 TAACACAAGA CCGGTACCAG ATTCTGTAGA ACATTTTGAA GCTTTACAAA AATTAATCGA 540  
 TGACAATGCT CAAGTACGTG TATTACCTTA TGCTTCAATT ACAACACGTC AATTAGGTAA 600  
 AGAATTGGTT GATTTCCAG CACTAGTAAA AGAAGGTGCC TTTGCGTTTA CAGATGACGG 660  
 35 TGTAGGAGTA CAACTGCAA GCATGATGTA TGAAGGCATG ATTGAAGCTG CAAAAGTAAA 720  
 CAAAGCCATC GTAGCACACT GTGAAGATAA TTCATTAATC TATGGTGGTG CAATGCATGA 780  
 AGGGAAACGC AGTAAAGAGT TAGGTATACC AGGTATTCCA AACATTTGTG AATCTGTTCA 840  
 40 AATCGCAAGA GATGTACTAT TaGCTGAAGC AGCAGGTTGT CATTATCATG TATGTCATGT 900  
 TTCTACTAAA GAAAGTGTTA GAGTCATTCG TGACGCTAAA CGCGCAGGCA TTCATGTTAC 960  
 45 AGCTGAAGTT ACACCACACC ATTTATTGTT AACAGAAGAT GATATTCCTG GTAATAATGC 1020  
 CATTTATAAA ATGAATCCAC CATTGAGAAG TACTGAAGAT AGAGAGGCTT TGTTAGAAGG 1080  
 GTTACTAGAC GGTACAATTG ACTGTATCGC AACAGACCAT GCACCACATG CACGTGATGA 1140  
 50 AAAAGCACAA CCAATGGAAA AAGCaCCATT CGGAATTGTT GGTAGTGAAA CAGCATTCCC 1200  
 ATTATTATAT ACGCATTTTG TAAAAAATGG TGATTGGACA TTACAACAAT TAGTAGATTA 1260

55

TTATGCAGAT TTAACAATCA TTGATTTAGA TAGTGAACAA GAAATTAAAG GAGAAGATTT 1380  
 CTTATCAAAA GCAGATAATA CACCATTTAT CGGCTATAAA GTTTATGGAA ATCCGATCTT 1440  
 5 AACAAATGGTT GAAGGCGAAG TTAAATTTGa GGGGGATAAA TArTATGCAA gCAAACGTTA 1500  
 TCTAGTGTTA GAAGACGGTC TTTTACGAGG CTACCGTTAG GTCTGATAAC TTACTGA 1557

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 447:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1799 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 447:

GCTAGAAATm TTGmATGaCA ATACAACTCT GTTAAAaTGA TGGACGTAGA CAAATATGCC 60  
 20 TATTGACGCT TTATTTTAAA AATTaACATG CTTATAACAT GTTTATAGAA GGAGATTAAC 120  
 CTATGAACTA TCaAGTTCTT TTATATTATA AATATATGAC GATTGATGAC CtGAACAGTT 180  
 25 TGCTCAGGAT CACTTAGCCT TTTGTAAAGC ACACCATTTA AAAGGTAGAA TTCTTGTTTC 240  
 TACAGAAGGT ATTAACGGCA CATTATCTGG TACAAAAGAA GAAACCGAAC AATATATGGC 300  
 ACATATGCAT GCCGATGAAC GATTCAAAGA TATGGTGTTT AAAATTGATG AAGCTGAAGG 360  
 30 ACATGCTTTT AAGAAAATGC ATGTACGTCC TCGAAAAGAA ATCGTTGCTT TAGATTTAGA 420  
 AGATGACGTC GATCCAAGAC ACACAACTGG CCAATATTTA TCACCTGTAG AATTTAGAAA 480  
 AGCTCTTGAA GATGATGACA CAGTCATTAT TGATGCACGT AATGATTATG AATTTGATTT 540  
 35 AGGTCATTTC CGAGGTGCAA TTCGTCCAAA TATCACACGT TTTAGAGATT TGCCTGACTG 600  
 GATTAAAGAG AATAAAGCGT TATTTGCAGA TAAAAAAGTG GTTACGTA CT GTACTGGTGG 660  
 CATTCGATGC GAAAAATTTT CTGGATGGCT TTTAAAAGAA GGTTCGAAG ATGTAGCTCA 720  
 40 ACTTCATGGC GGTATTGCTA CATATGGTAA AGATCCTGAA ACAAAGGTG AATATTGGGA 780  
 CGGTAAAATG TACGTATTTG ATGACCGTAT CAGTGTTGAT ATCAACCAAG TTGAAAaAC 840  
 AATTATTGGT AAGGATTGGT TTGATGGCAA ACCATGTGAA CGTTATATTA ATTGCGCTAA 900  
 45 CCCAGAATGT AATAAACAAA TATTAGTTTC TGAAGAAAAC GAACTAAAT ATTTAGGTGC 960  
 ATGCTCTTAT GAATGTGCTA AACATGAGCG TAATCGTTAT GTTCAAGCAA ATAATATTAG 1020  
 50 TGATAATGAG TGGCAACAAC GTTTAACAAA CTTTGATGAT TTACATCAAC ATGCTTAGTT 1080  
 TTAATTAAAT ACCTTTCAAA ACACGCTTTG AAAATCCGAT TTATAAAGGT TTTCAAGGC 1140

TAAATTTTAA TACTGCGGGG TGTCTTAAAA TGCACATTTT AGTAACAGGG TTTGCGCCTT 1260  
 TTGACAATCA AAATATCAAT CCCTCATGGG AAGCTGTGAC TCAACTAGAA GATATTATTG 1320  
 5 GCACACATAC AATCGATAAA TTAAACTAC CAACCTCTTT TAAGAAAGTA GATAATATTA 1380  
 TAAATAAAAC GTTGGCATCT AATCATTATG ATGTTGTACT AGCTATAGGA CAAGCTGGTG 1440  
 GTAGAAATGC CATTACCCCA GAACGTGTCG CCATTAATAT TGATGATGCA CGTATTCCAG 1500  
 10 ATAATGATGA TTTTCAACCT ATTGATCAAG CCATTCACCT AGACGGTGCG CCAGCTTATT 1560  
 TTTCAAATTT ACCaGTTAAA GCAATGACTC AAAGTATTAT TAATCAAGGA CTTCTTGGAG 1620  
 CACTTTCAA TAGCGCAGGT ACATTTGTTT GTAATCACAC ACTTTATcAC TTAGGTTATT 1680  
 15 TACAAGATAA GCATTACCCT CACCTACGAT TCGGATTTAT TCaTGTGCCA TACATACCAG 1740  
 AGCAGGTcAT TGGTAAACCC GATACACCAT CTCATGnCCA TTGAGGAAAA GATnAGTTG 1799

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 448:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1341 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 448:

30 ACTTGGTTTT TTATTGTTTA TAAATAAAAC TCACTTAATA ATGTTTTTCAT AATCTTCTTC 60  
 GACTACTTAA TTCTTTAAGA TATTCGTGAA AAGAGACATT ACACTAGTTA ATTTTCAAAC 120  
 AATACAAAAA GCGTCTACCT CCTACATATA ATTGTAGCGG AGATAGACGC TTAATATTTA 180  
 35 TTTAAAAATT ATTTTAAACC ACCGAATGTC ATAACATCAC GGGCAATCAT ACTTTCTTCA 240  
 TCTGTTGGAA TAACGACAAC TTAACTGGT GAATGAGGAT AGTTAATAAA TCCTTCTTTA 300  
 CCACGTAGTA AGTTTTTCATT TTTCTTAGGA TCCAGTAAA CACCCATAAA TTCTAAGCCT 360  
 40 TCAAGAACTT TCGCACGAAT TTCTACTGAG TTTTCACCGA TACCTGCTGT AAATACGATA 420  
 ACATCAACAC CATGCATTCT CGCAGCATAT GATCCAATAT ATTTGTGAAT TTTAGAAGCA 480  
 AATACATCTA AAGCCATTTG TGAACGTGCT TTACCTGATT CAGCTTCTTC TGATAAGTCA 540  
 CGTAAATCAC TAGATGTACC TGATAATCCT AATAAACCTG ATTCTTTGTT TAAGATTTCC 600  
 AATACTTGTT CAGCAGTTTT ACCTGTTTTT TCCATAATAA ATGGAATTAA AGCAGGGTCA 660  
 50 ATATTACCAG AACGAGTACC CATTGTTACA CCAGCAAGTG GTGTGAAGCC aTTGATGTAT 720  
 CAATAGATTT ACCGCCATCG ATAGCTGCAA TTGATGCTCC ATTACCAATG TGACATGAAA 780



TATGGCTTGT ACCATGGAAA CCATACTTAC GAATGCCATA ATCTTTATAA TAATGATATG 900  
 GCAAGCTATA TAGATATGCT TTTTCAGGCA TTGTTTGATG GAATGCTGTA TCAAAAATTG 960  
 5 CCACATGAGG GATATTTGGT AATAATTTAC GGAAAGCACG AATACCCAtC AAGTTaGCTG 1020  
 GGTGTGaaAG CGGTGCTAAT TcGCTTAATT CTTCAATTTT CTTTTCAACC TCATCAGTAA 1080  
 TAGCTACTGA TTCAGGGAAT TTTTCACCAC CATGTACAAC ACGGTGACCT GTTCCATCGA 1140  
 10 TATCGTTAAT ATCATTAAATA ATATTGTGCG CTTTAAAAGC ATCCAACATG ATATCAACTG 1200  
 CCTCAACGTG ATCCTTGATA TCTTGTACTG TTTTAACTTT TTCCCCGTTG ACTTCAATTG 1260  
 TAAAAATTGA ATCCTTCAAT CCGATTCTTT CTACTAAACC TTTTGTTACT AATTCCTCTT 1320  
 15 CAGGCATTCT AATTAATTGA A 1341

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 449:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1529 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 449:

TTTTGAAGAT ACTACCGATG AAAATAGACA AAAGATTTTT CAATATTTAT CACCTGAAGa 60  
 30 AGTTGCAAAT TTCTTTGATC AATTAGATAT TGATGACGAT GAATATGAGT TGCTATTTGA 120  
 TAAGATGAAT GCGACATACG CAAGTCACAT ATTAGAAGAA ATGTCATACG ACAATGCAGT 180  
 AGATATTTTA AATGAGTTGA CTAAACCAAA AGTTGCTAGT CTTTTAACAT TGATGAATAA 240  
 35 AGATGACGCG AATGAAATCA AAGCATTACT TCACTATGAT GAGGATACGG CCGGCGGTAT 300  
 TATGACGACG GAgtATTTTAT CACTTAAAGC GCATACGCCT GTTAAAGAAG CATTATTATT 360  
 GGTCAAAGCG CAaGCACCAG ACGCAGAAAC AATATATGTT ATATTTGTCTG TTGATGATGA 420  
 40 TGGTAAATTA GTAGGTGTTT TATCGCTAAG AGATTTAATT GTAGCTGAAA ATGATGCTTA 480  
 TATTGAAGAT ATTATGAATG AACGTGTCAT TAGTGTGAAT GTAGCAGACG ACCAAGAAGA 540  
 45 TGTTGCTCAA GTTATGAGAG ACTATGATTT CATGGCTGTA CCTGTTATAG ATTACCAAGA 600  
 ACATTTGCTT GGTATCATCA CGATTGATGA TATTTTAGAC GTTATGGATG AAGAGGCTAG 660  
 TGAAGACTAC TCTCGTTTAG CCGGGGTATC AGATATCGAT TCGACTAATG ATTCAATCAT 720  
 50 TAAAACAGCA TTA AACGTT TACCATGGTT GATTATTTTA ACATTTT TAG GAATGATTAC 780  
 TCGGACAATT TTAGGGAGAT TCGAAAAAAC ATTAGAAAAT GTAGCGCTAC TCGCAGCGTT 840

TCGTAACATT ACGACAGGGG AAATTAATGA GCAAAGTAAA TTTAGAATTG CATTAAGAGA 950  
 AGCAGGAAGT GGTGTATTAT CGGGTGTGTG ATGTTCAACA ATATTATTTA CAATTATTGT 1020  
 5 TGCAATATAT CATCAGCCAC TTTTAGCATT AATCGTTGCA GGAAGTTTAA CTTGTGCGAT 1080  
 GACGGTGGGG ACGTTTGTAG GTTCGATGAT TCCATTATTG ATGAATAAAT TAAATATCGA 1140  
 TCCAGCAGTG GCTAGTGGAC CATTTATTAC AACAAATTAAT GATATTATTA GTATGTTGAT 1200  
 10 TTATTTTGGT TTAGCTACAT CATTTATGGC TTACTIONAATT TAAGGAGGAG TTATGGAGTT 1260  
 TTTATCTTTA GTTATTGTTG TTTTAGCAGC GTTTTTAACT CCAATAATTG TCAATCGATT 1320  
 AAATATTAAT TTCTTGCCAG TTGTTGTTGC AGAAATTTTG ATGGGGATTG TGATTGGAAA 1380  
 15 TTCATTTCTA AATATAGTAG AAAGGGATTG AATTCTAAAT ATTTTATCAA CGTTAGGCTT 1440  
 TATCTTTTTA ATGTTTTTAA GTGGTTTAGA AATTGATTTT AAAGCTTTTA AAAAAGATAA 1500  
 20 ACGCGCACGT CAAGGACAAA ATGATGATG 1529

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 450:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1827 base pairs  
 25 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 450:

TTCTGGAAAC CAAAGTATTG TCATCTTCTA CTAGTAGTAT nGGCATCCAT ATCACCCAAT 60  
 ATCATTTAGT ATATTTTATA TTTTCTCCTG ATTTTAAATCG ACTTTGAAAA TCTTTAATCC 120  
 35 GGCAGTCAAC TTCAAAGCCA TGAATCATCA TTTTTTGCAT TGGTGCTTGT ATAAAGTAAT 180  
 AAATCGGCCA AAATAATCGA GGGATATAAT CGTATAGATG TATATAAACG ACTGCCGACT 240  
 CTTTGATTAA TCTAAATTCT AACTTCCCTT GATTAAGTGT ATATTTTTTC ACTAAACTTC 300  
 40 CACTCAATAA AATTAAAGTT ATTATTCCAT CAGCTGTTTC TTCTATTTTA AATACTGCCA 360  
 GCGGTCGCAC CTTATTCTTA ATATATATCT TAAATTGATC ATGTGATTTT TCTGTTTTCA 420  
 CAAAAGTTCC TTTAGTGTA CCATCCATG CAATAAAATG GTTTACAACG TTCTTTAATG 480  
 TCCATCCCTT TGGTAAAACT ACCTTCATCG TTGATCTAAC ATCATCATAC TTTGAAACTT 540  
 GTAATTCTAC ATTAATAAAA GAACGTTTAA AAATAAATT TGTTGTTTCT ACAGGTGTAC 600  
 50 CATATGCACC TAGGCGTTCA ATTGTTTCAT TATCATAACG ACTCCCAGGT ATGTAGATTA 660  
 CTTTTTTTAC TTGATTGATA GCCGCTGCTC GACCAAAATT ATCTGCTGCG ATTAATGTTA 720

55

	CAGCAATATC TATTTGATTC ATTGCTGCAA CAACCTGTTC GTAATGAAAT ATATCACACT	840
	GAATCCAAGT CATTTCAACA TCATCTGTTT KTTTATTGTC TGGATATTTT GATATAGCAA	900
5	AAAGTTCAGC ATCATTTTCA ATCACTTCAC TTAAATACTT ACCAATATAT CCTGTTCCAC	960
	CTGCTAATAA AACTTTAGGT TTCATCTAAA ATACTCCTTT AACTGTAAAC CAAAAAACAT	1020
	ATTACTCCAC CTTTtagTTA CATATATATT ATAATAGTAG CAAATGTTTT AAAATTTCAA	1080
10	AATACTGGAG GCTTTTTATG GCCCATATTA TACGTAGAGT TAGTATCAAA GATGTAGAAA	1140
	ATTTCAATTC AATGTTAGCG AACATATACG ACGAATCTCC GTATATGTTC TACACACCAG	1200
	GAGAATATGA TCCTAGCGTC ACATCGGCTA GTAAACAATT AGAAGAATAT ATCACTTCTC	1260
15	CGCATAAAGT CATCTTCGTT GCTGAAAGTG ATGAACAACCT CGTTGGCTTT GCCTTTGTTA	1320
	ATACGACACC ATTTCAACGC ATTAAACATG TTGCTAAAAT TGATTTAGGT GTAAAGAAAT	1380
	TATATCAACA TCGTGGAATT GGCCAAGCAC TTCTTGATGC CATTATGGCT TGGTGTTTAA	1440
20	ACAATCAAAT ACACCGAATT GAAGCAAATG TACCACTCAA TAACCAACCT GCCCTCGAGC	1500
	TTTTTAAAAG TGCCGATTTT CAAATCGAAG GCGTTTTAAA AGATAAGTTA TTTATCGATG	1560
25	GTAAATATTA TGATGACTAT ATGATGGCTA AAATCTTAA TTAAAGCTAT TTTATCATAA	1620
	TCTTGTATCA GAATCGTATA ACAACGAATT TAATGGTTAC CTAATACATT ACTCATACTT	1680
	ATCAATGTTA TCTAATCTCA AATAAATACG TACACTCTTA TTCATTTATC AAATTTAAAT	1740
30	TCAAAATANA ACACCACTAA TGTGTAATTG ATTAACATC AACTACGATT AGTGGTGCTT	1800
	TATATATGTG GTTAGTTTTT CThACTA	1827

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 451:

- 35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 616 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear
- 40

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 451:

45	ATATAGATTA ATGTTTGTTA TTTGTACTGT GTTTGCCAGT GACATTTATT ATAAAACATA	60
	TGACGTTATT CTATGkTGTA CTCATTtTCT ATATTGTAGG TTTATTAACG ATTAGAAGTA	120
	TTATTAAAAA GTTGAAATAT CAGGAAACAT TATTACGAGA CTAAAAAACT TCCATTGGCA	180
50	TGTATGTTGT AAAGGTGCAT GTAATGTTGA ACGCCAAATG ATACGGCGTT CAGATTACAT	240
	TAGCATCTAT ACGTTAACAG CATAACCAAT GGAAGTTTTT TTCGAATCTA TTCTTTTATT	300

55

AATGCGTCTT TTGAAAAATG GTCATTAAAG GCATCAGATT GCTTAAAGTC TTCGTATGCA 420  
 TGTCGATCAG CAAATCCGAA ATAAATTTTG TATGTTGTAC CTTTAGCAGG TCTTAACAAA 480  
 5 CGATAGCTTT TAAAGCCACC AAAGTTTCTG AAATTATCGT CTACACTAAT CAGTTTCTTT 540  
 TCAAGTTGAT ATGCATGATC TTCTGTTGAT GGaATGAAGa TTGCACaATA GAAATGaTGT 600  
 TCACTGAATT CACCAA 616

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 452:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 944 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 452:

GCACGAGTGA TTAAACGGTT AATCAATGAA ACATTTGATG CAAATTACAT TGAAGTTATT 60  
 GAGGGAGGAA TTGAAGAAAC GCAAACGTTA ATTCACCTAC CTTTGTACTA TGTCTTCTTT 120  
 25 ACAGGAAGTG nAAATGTAGG CAAAATCGTT TATCAAGCTG CCAGCGAAAA TTTAGTTCCT 180  
 GTGACATTAG AAATGGGCGg TAAAtCTCCa GTCaTCGtTG ATGAAACAGC GAATATTAAA 240  
 gTTGCTAGTG AGCGCATTTG TTTTGGGAAA TTCACTAATG CCgGCCaAAC ATGTGTTGCa 300  
 30 CCAGATTACA TTTTAGTACA CGAATCTGTA AAAGATGATT TAATCACAGC CCTATCAAAA 360  
 ACGTTGCGTG AATTTTATGG TCAAAATATA CAACAAAGTC CAGATTATGG CCGCATTGTA 420  
 AACCTTAAAC ATTATCATCG TCTGACTTCA TTACTTAAAC GTGCACAAAT GAATATTGTA 480  
 35 TTTGGTGGTC ATAGTGATGA GGATGAACGT TATATAGAAC CAACATTGTT AGATCACGTT 540  
 ACAAGTGATT CAGCAATTAT GCAAGAAGAA ATTTTGGTC CTATCTTACC GATTTTAACG 600  
 TATCAGTCAT TGGATGAAGC AATAGCCTTT ATTCACCAA GACCAAACC TTTGAGTTTA 660  
 40 TATTTATTTA GCGAAGATGA AAATGCTACA CAACGTGTAA TAAACGAGCT ATCATTGGC 720  
 GGCGGCGCTA TTAATGATAC ATTGATGCAC CTAGCGAATC CTAAATTACC ATTTGGTGGT 780  
 45 GTTGGTGCCT CAGGTATGGG ACGCTATCAT GGTAATATT CATTCGACAC TTTTACACAT 840  
 GAAAAAGCT ACATTTTCAA ATCnACACGA TTAGAATCAG GTGTCCATTT ACCACCATAT 900  
 AAAGGTAAAT TTAAATrCAT CAAAGCTTtC tTTAAAnATT AATT 944

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 453:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4820 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 453:

	TCTCCAGTAG ACCTTGTGTA TGAACAGTTT CTTTCATATG AATGAACATC GTTTTAAAG	60
10	TTTGTTCAC CTCAGCCTTA TCAGGATAAT ATCTAGAGAC AGTCGTCTCT GGCATCTCCA	120
	TTGTATGATA TTTAACCTTA TGCAGCGACC CATGATTTTC GTTATAAACA AATGTATGAT	180
	TCAC TTCATC GAAATCATGA TCTTCTCCTG CAATCCAAAA AACTGGTACT ACTTGTTGCT	240
15	TATGTGTATC CGTTAATTCC TTAGATAAAG TAATGATTGa AAATATTTTA TGGAATGTAT	300
	ACAATGGTCC CCCGAAAAGC CCTGCTTGTT GTCCACCAAT CACAAC TTTT GAACCATTAG	360
	CTAAATGTTG TATGTTTAAT TCTTGTTTAC TTGAAAGCTT GAAAGCTTTA AATCACTCAT	420
20	ATATTCACGA ATAACATTCC CTAATGCCGC TTCTCTTCCA TTATTTTCTT TAGACATCCT	480
	TTTTTCAAAA CTAGTTTGTT GAGCTGCATC ATATTGAAAT AATCCTGTTA TTACAGGGTC	540
	ACTGCTCTTT ATTTTGGTA TAACTGATC TTTTTCATTT AAATAACTA CTTTACAGTC	600
25	CATGTTTTTT CTCCTTAAGT ACGCGATTAC AAATAAGTCTA TACCGGTGAT	660
	TGACAATTTT ACGGCTTGAA AATCAATTTA ATCATGGAAA ATTTATAATA TTCATTGTTT	720
	TACATTTTCA AATCAATGAA AAACACAAGT GGTTTAATGT ATAATAATAG TAGTAAACAA	780
30	ATAAGGGGTA GATAAATATG AGTGAAATCA AACGTCTTGA AATTAATTAC AAAACTGACG	840
	AATTATTCGA AAAC TTTAGA GCGTTTGGCA ACAAAGACTT ATACATGGTC AATGAGTTAA	900
35	ACGGTCAAAT GATTGATGCA AGTTCAGATT CACCATTTTA TGGCATATTT GTCGaGATCA	960
	ATTAGGAGCT AGAATGGCAT TACTAAAAAA AGGTGATGTC GAAGAAATCT ACTTCCCAGA	1020
	TTTTGAAGAT TATATATTAT TATGGAAGTT AGAAGTATTA CCAAATATC AAAACAGAGG	1080
40	GTACGCTTCA GAATTGATTG ATTTTGCAAA GAGTTTCAAT ATGCCAATTA AAGCCATTGG	1140
	CAGAAATGAT TCTAAGGATT TCTTTTTACA TCATGGATTT ACAGATGTGG AAGCTAAAAA	1200
	TATAGAGGGA CATGATGTCT TATTGTGGAA ACCATAAGAT AATAATATTC GACACTACGA	1260
45	GCATGAAAAT GCATCTTTTC GTAGTGTCTT TTTTACAATT ACTTTCTTAA GCTAATATAA	1320
	GTaAATCATT TTCAAATTAT TTGTCTTAAC GTACAATATC ATTTAGTTGT TTCCATGrAT	1380
	TAATTTTATA ATCAGGTATA ATTCTGGAT TATGATCAAA TCCTCTAAAa TTAAACCAGC	1440
50	AAGTAGCTAT ACCcGCATTG ATTCCACCTA GAATGTCAGA TGTTAnAGAA TCTCCaACTA	1500
	TAATCGAGTG CTGcCTTTCA TCCTCACCAA TATCATTAAA AACATAATTA AAAAATTCCG	1560

55



	ACGGCGTCTG	ATTTAACCTT	CTCTTTTGCG	TTTCGGTTAC	ACCATTAGTA	ACAATATATA	1680
	AATCATGTCT	TTTCGATAAT	TCGACAATTG	TTTCTAATGT	TTGATCAAAG	TATTTAACTT	1740
5	TAGCTTCTGC	TAATCCATTT	CTAAATAACA	CATCTGCACG	ATGCCCCATCA	ACTTCCATTT	1800
	GATGATGTTT	GAAGTAATTC	ACAAATCGTT	CTGATAATAC	TTCAGACTTC	GkTAATTTAT	1860
	TTTGkTGAAA	AGCTTCCCAA	TGTTGGTGaT	TGaTTTTTTTT	AAATGkTAAA	AAATCATCCy	1920
10	TTGTTGCTTT	ATGATTAAAA	ACATTCGCCA	TATAGTGAAn	CGCCCCATTCT	TCTGcATCAT	1980
	AAAAATCAAC	AATTGTATCA	TCAAAGTCTA	TCAAAATATT	TTTATATCCC	AATTTCCCCA	2040
	TCTCCTATAT	TGTCTATGTA	TCTAAATCTT	AACAGAGGCT	CAAATTTCTG	CAAATAAAAT	2100
15	AAACTGAGTG	CATAACATTA	AAGTATGCTC	ACCCAGTTTA	TTTTAAAGAA	TATTAGTTAT	2160
	TATATTAGAA	TCCAAATAAT	TTACCTAGTA	AACCCACACC	GTTAGCAACG	ATGTCTACGA	2220
	TACTTGCGCC	TAATTTCACA	CTATCATGTT	GTGTGTCAGC	TTGCACAGTA	TTTGCGATTG	2280
20	CTTCTGCTAG	TCCAGTCATT	TAAATCTCTC	CCTCACCTTT	GAAATAATAC	TGATTACTTA	2340
	CATAACATAT	TGAAATTAGA	ATCCGAATAA	TTTACCTAAT	AAACCTACGC	CATTTTCAAC	2400
	GATGCTCACA	ATGCTTGTGC	CTAATTTTGC	GCCATCATTa	TTAATTGCTG	CAGTTACGGT	2460
25	ATCTTTAATT	GCGTTAAATA	AACCTTCCAT	TGAAAACACT	CCTTAAAATT	TAAATTTGAA	2520
	GATAACAAAA	ACGTGCGTAG	yTTTTAAATC	ACCGAAATGT	TATTCGCTTA	ACGTTTTGTT	2580
30	GTTGTTATTT	TAAAATAAAT	TTGATGCAAT	TAGTTTGTTT	ATCCGCACAA	CATCTTATAA	2640
	TGTACTTAAC	TGTATTTTAA	AGAGAAAAGA	AATACAGTTA	GGCATTCAAA	ACTGTATTTA	2700
	ACACAATTAA	GTTGCCTGAA	TTCGTATTTA	AGTCTTATTG	AACCTTTTTA	GATAAATAGC	2760
35	TCTATAATAG	TGAAAAATAT	AAACATTTTT	TATTTACAAG	GTATTGCTAA	TTTAAGTTCA	2820
	TTTAGATATA	ATAATTCTTG	TGTTGTTAAA	CGTGTCTGG	TAGCTCAGCT	GGATAGAGCA	2880
	ATGGCCTTCT	AAGCCATCGG	TCGGGGGTTC	GAATCCCTCC	CAGGACGTTT	ATAGGTATTT	2940
40	TTATACGCAT	TACCAAACAA	AAGAGTTCCG	TGATTACGGG	GCTCTTTTTG	TTTTGAATTT	3000
	CAGTAATATA	GTATGATGCG	TCACCAAAAC	GTCCCCCGCA	TAAGCCCCGA	AAATACAGTA	3060
	ATTAAAACAA	GCATGCTTAT	TCGTTATAGA	ATTTTTTGAC	ACACAATTGA	CACGCGTCTG	3120
45	ACACTTGTTT	ATACATTTTT	AATTAAGTAA	TTTTGTGCTC	AAATTTCATC	TATACTGCAC	3180
	CTGAACTACA	CCAACACTAC	ACCAAGATTT	TTAACACTCA	CCATTTGCAT	GCGTAGAGAT	3240
	TTTTATTATT	ATATTATTCC	TATAGATTTT	GATACTATTC	AAAATTTTAg	GGACTTTTCA	3300
50	GGGGCCCCGAA	ATCCTATAAT	TATAATTATA	TACATCTAAA	AAAAATAACC	ACGTCCATCG	3360

55

5 ATACTATTGG CAAATTTATA AAGTAGTTCA GCGTTTTTCA ATGACATATT GTCTAATGAT 3480  
 CTTTCATTTT TTCTCATTCT GTGTATTGTG CTTTGTGGAA CTCCTGTTTG TTTCGATATA 3540  
 10 TGTAAGTGC TCAAATCACT GTCTAATAGT TTTTGAATTT GATTTCTCAT TTTGTACACC 3600  
 CCCTTGTAAG TCTTCAATCA TCATTTAAAT TAAATAATTA CTTTTCACCA TATTCCAATA 3660  
 TTTAGGTTGC AAAGCATACC TCAAATATCA TTAATTTTGA GATTTAAATG TCAATTATGT 3720  
 15 GTCTATCAAT CCAATATACA TACTCTAATA ACGTAATAGT ACACACTCTT CTTATTAATT 3780  
 GGCCATAGCT ATCATGATAT AATTAGTGAA GAAAATCACA TAAGAAAGGT TGTAAATCAT 3840  
 GAGACTTCAA AAAGCACCTC TAGTAACGTC AGGACTAGTC TTAGGATTAT TAGGCCTGGG 3900  
 20 TAATCTATTA AAAGACTTAT CTCTTACTTT AAACGCTGTT TGCGGAATCT TTGCTTTCTT 3960  
 GATTTGGATT CACCTTTTAT GTACTATGAT CAAATATTTT AATAATGTGA AAGAACAATT 4020  
 AAACAGTCCT CTAGTTTCAT CAGTGTTTAC AACATTTTTC ATGTCTGGCT TTTTAGGTAC 4080  
 TACTTATTTA AATACATTTT TTAGTAACAT AACTTTTATC AATAGCTTAA TAACGCCTAT 4140  
 TTGGATTTTA TGCCTTGTGG GAATTATGAC GCATATGATT ATTTTTCAT TAAAATATTT 4200  
 25 AAAAGATTTT TCACTTGAAA ATGTTTATCC TTCGTGGACT GTACTTTTTA TTGGTATTGn 4260  
 TATCGCAGGA TTGACGGCAC CCGTTAGCGG ATATTTTTTC ATAGGTCAAT TAACAGTAAT 4320  
 ATATGGCTTT GTAGCTACTT GTATTGTCTT ACCTATAGTT TTCAAGCGAT TAAAAGCATT 4380  
 30 TCCATTGCAG ACGTCAATCA AACC GAACAC ATCGACAATT TGTGCACCAT TTTCTTTAGy 4440  
 CGCTGCAGCA TATGTTATAG CTTTTCCTAA GGCGAATGCT TTTATCGTAA TTATATTTTT 4500  
 ACTATTAGCT CAAATATTTT ATTTTATAT CATTATACAA TTGCCTAAAT TACTAAAAGA 4560  
 35 ACCTTTTTCG CCCGTATTTT CAGCTTTCAC ATTCCCTTTA GTAATCTCAG CAACTGCTTT 4620  
 AAAGAACAGT TTGCCTGTAC TTATGtKtCC AGACATTtGG AAAGGkCTTT TGTTTATCGA 4680  
 AGTGTTATTA GCCACTGTAA TAGTACTTAG AGTCTTTATA GGATATCTTC ACTTCTTTTT 4740  
 40 AAAAAAGGAA AAACAAGATA AATTTCTnCG TAATGCGTCT CAGTAACACT ATTACCAAGA 4800  
 ATTAACACGT ATATTTAATA 4820

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 454:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 4358 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

ATTTGGATCT TTAATATCAC CAATATTTTT AATATCTTCC GGATTCAATC CATATACTTG 60

TACTGTATCT GAGTATTTAA TTGTGAAATA ATCACCTGAT TTAACCTTGT CATCAACTGT 120

5 AATTTGTGAT TTTAATGATA AATAATCTTG GGCTGGTACG ATTTTATTGT TTTTATCTGC 180

ATCAACGACA GTtAATGTTG TATTTGATGT GATTAAATCA TTAACATTTT TAGCCTCTGT 240

TGATGATGGC TGTACTGCTG CTATACGCAT TCTTGTATTC AAACGTTTAG GTGCTGTACT 300

TTTTGGCAAA ATGATATCTG CATTATTTTC ATTATTTGAA TTACTATTGT TATCAACAAG 360

10

AGTTTCATCA TTACTCTTGA TAGCATCACT TTTAACATTT AATGTAGTTG ATTCAGTTTT 420

GGCATCTACC TTTTTGTTTT CCTCATTAGT TGGTTGAACA TTTACCACTG ATTTATTCTC 480

15

TTGCAAATCA GGTIGTAACG CTTCTTGATT ACTTATAGTT TGTTTAGTGT TTAAATCTTC 540

ATTCGTagAT TTTGGTGAAG CTTGCTCATC TGATTTGGCA GTTGAAACTT CAACTTTATT 600

TCCAGTGGTA GATTGTACAC TTTCTTTTTTC TATTAATTTA TTCCCATTTG AAGTCGTTTC 660

20

ATTACCTTGa GATGATACCA TTTCTTTTTG ATTATCATTT TTAGTATTGT CTTCTTGATT 720

TAGTTGCTGC ATATCAACTT TATCACTCGA TTGATTATCA CTTGCTGAAG TTGTCGCTcG 780

TTCAATtCTT TATTAGTACT TTCTGCAGCC TTTGCTTCTT GGTTCCCCAG ACCAAAAATT 840

25

AATGTTGTAC CTACTAAAAT TGATGCTGTT CCCACTGTGT ACTTTCTAAT CGAAAATTTA 900

TTTAATCGAT TGGATACCAT GCCTTTCCTT GTTATTGCCG TTTTATTTTC TCTGTTTAGC 960

ATTAGATTAC TCCTAATTCA TCAAATTTTT AAATAATACA ATTGTTTTAA ATACAAAAAT 1020

30

GTATATCAAT ATAGTATTAC ATTTTtagAT AAAGCACAAT ACTTTAATTA TTTTTCTTTA 1080

TCGTAAAACG TTATTTAACA TTTGTGTTTA AATAAAAGTT TTTATGAGTt TTGTAATCTT 1140

35

TATTTAATCA TCATAAAAAA TAGTATTATT TGCCCTTGAA ATTAATATCT TAGCTTTTCT 1200

AATTCATAGA CAATTACATT TCTGTAACAA ATTAAATTGT ATCTATTCCT TAAAGATTTT 1260

TTGTTTTATA TCTGGGAATT TCTAAACAGA AAAAACCAGG CCACATGGAC CTGGTTAAGT 1320

40

TAATCATATT ATTTATTTTG TTTTTTACGA CGACCGAATA ACAATAATGA TCCTAATGCC 1380

GCGAATAATC CACCGAATAA TGTGCCATTA TTTGAATTAT TATTTTCACT ACCTGTTTCT 1440

GGTAATGCTT TAGCTGTTTT ATGCTGATCT TTAACCGTAC TCATTGGTTT AGCCGGAGTA 1500

45

TGTTTACCTG CATCTGAATC TGAATCGCTA TCTGAATCTG AGTCGTTGTC TGAGTCCGAA 1560

TCGCTATCTG AATCTGAGTC GCTGTCTGAA TCTGAATCGC TATCCGAGTC TGAGTCGCTA 1620

TCTGAGTCTG AGTCGCTATC TGAATCTGAA TCGCTGTCTG AGTCTGAATC GCTATCTGAG 1680

50

TCTGAATCGC TGTCCGAATC TGAGTCGCTA TCTGAATCTG AATCGCTATC TGAATCTGAG 1740

55

	TCTGAATCTG	AGTCGCTGTC	TGAATCTGAA	TCACTGTCTG	AGTCTGAGTC	GCTGTCTGAG	1860
	TCTGAATCGC	TGTCAGAATC	TGAGTCGCTA	TCTGAGTCTG	AATCTGAATC	ACTGTCTGAG	1920
5	TCCGAATCGC	TATCTGAATC	TGAATCGCTA	TCTGAGTCTG	AGTCGCTATC	CGAATCTGAG	1980
	TCGCTATCTG	AGTCTGAGTC	GCTATCCGAG	TCTGAATCGC	TGTCTGAGTC	TGAGTCGCTG	2040
	TCTGAATCTG	AATCGCTATC	TGAGTCTGAG	TCGCTGTCTG	AATCGCTGTC	TGAATCTGAG	2100
10	TCGCTATCTG	AATCTGAGTC	GCTATCTGAG	TCTGAATCGC	TGTCAGAATC	TGAGTCGCTA	2160
	TCTGATGTTT	CTTCTTCGTA	GTAGCCATTA	TCAAGTGTGA	AATCATCATG	ATCCGTAATT	2220
	GTTACATCAA	CTTCGCCACC	ATCGGCATCT	TTATCATCTT	CAGTTGTATT	TGTACCTGTT	2280
15	TGAGTTAAGC	CAGCAGGTTT	TTCAAAGATA	ACTTTGTATT	TACCACTATC	TAAATTATCA	2340
	AAGCGGTATT	TACCATTTTC	ATCTGTYTCA	GTTGTACCAA	TTACTTCGCC	TTTTTCGTTT	2400
20	TGCAAAGTAA	CTTTAACACC	TTTAATTCCT	TTTTCAGTCG	AATCTTGTTT	ACCATCTTTA	2460
	TTACTGTCTG	ACCAAACATA	ATCACCTAAA	CTATATTTTG	GTGTTTTGTA	GAATCCACTA	2520
	TCTAATGTCA	TGTTGTCAGC	GTCTTTAATG	ACACCTGTTG	TAGTTAGTCC	ATCAGAATCT	2580
25	ACAGCATCAT	CTGTACCTAC	ATTTGCAGTT	GTCGGTGTAT	AACCGGCTGG	TGTTGAAAAC	2640
	TCTACACTAT	AAGTTCCATT	GCTTAAACCA	GTGAACTGAT	ATTTACCATT	TTCATCTGTT	2700
	GTCGTACGAT	CTAATTCTTT	ACCGTTACTA	TCTTTAAGAA	TGACATAAAC	ACCTTTAATC	2760
30	CCTTTTTTCAT	TGGCATCTTG	TTTACCATCT	TTATTTGTAT	CTTCCCATA	ATAGTCACCT	2820
	AGATTATATT	TCTTTTGGTC	GCCATTAGCA	GTTGATGAGC	CATTCACATT	TGAATAACTA	2880
	TTTGACCAAC	TATATTTAGT	TTTGTCAGTG	TCTAAAGTAT	AATCAATTTT	TCCATTATCT	2940
35	GTTGAACTAT	TATCTGGATA	AGCAACTTGT	TGAATGATGT	ATTGTTTATT	GCTGCTTGTT	3000
	TGGCCTTTCA	TTAAATCGAC	TGTAGCTGTT	TTATTATCAT	TACTATAAAT	AACATCGAAT	3060
40	TGATCAGTAA	CATCTTTAAG	TTTGAAGTA	TCAGGGGTGA	AACTATCCAC	AAATTGATTT	3120
	TGATCTGtCA	CTtCGTAAAT	TTTGAAGTTT	TTTGCATTTG	GATTAAATTT	ATATCCAGTT	3180
	AAATTAGTAA	CAAACGTTTG	TTTAGTATAT	GTATTTTtag	GTTGATTTAC	ATATGCAGTC	3240
45	ATATTACGCG	ATAAATCTTC	ATTGTTAATA	TAGTTTGTAC	TTGAAATAAG	CGGTTGTGCT	3300
	TTTTTATTAC	CATAATCGAC	AATGATTTCT	TCGCTATATG	TATCATTACC	TAAAGTTACT	3360
	TCCATTTTAT	AAGCTGTTTT	ATCAGTTGTT	GCATTTTtAC	GTTTCGCAAA	TGCAACTTGT	3420
50	TCAAAGCTAC	CTCTAACATT	TGTATATTGA	TCTACATAGT	TCGTAAAAGT	ATATGTTGTT	3480
	GTGTTTGTTG	TACTATCATA	AATACCTTTT	GCAATAATAT	TACCTTGGGC	ATTATATAAA	3540

GTAAATGTAT CGCCCTCTTT AACAGAATCA TCGATTGTGT AATTGCTTT TAATTTTAAA 3660  
 ACATCACTTG AAGTTGCCCA AAATTCAGTT TTACCAGTAG TCTGATTAAC ATGTCCTTTA 3720  
 5 TCAATCGCAA TGTCAATATT TGAAAAATGT ACTTTATCAT TAACATTTGT TCCTTGTTGT 3780  
 GGAGCTGCAA CAGTATTCAC TGCCATGCGA TTAAAGTTC TTGGTTTAAT AGTCGTTGTT 3840  
 TTAGGTGTAG TTGAAACATC TTTTGCTTGT GTTAAATTAC TTTTATCAGT TTCATTACTA 3900  
 10 TATGTAGTTG ATGATTTATC ATTTGTTGTT ACATTGCTAG TTTTGTAGT AGATTGATTA 3960  
 GCTGTAGCGT TTTGTGGTGA TTGCATGTTA CTACTAGTTT CTTTAACTGT TGCACATCA 4020  
 CTCATTGTCA CTTTAGGCTG ATCTGCAGTT GCAGTTTGGC TATTGTCTTT TAGTTGACGA 4080  
 15 CTATCAACTT TTTTAGTTGT TTTATTCTCA CTTGGGGCTG TCGTTTCATT TTTTGATTGA 4140  
 TTTAATTCTC CATTTCGTATG TTCTGCCGCT TTAGCTTCAT GACCACTTAA CCCAAAATC 4200  
 20 AATGTTGTCC CTACTAAAAT TGAAGCAGTA CCTACAGAAT ACTTTCTTAT CGAAAATTG 4260  
 TTTAATCGAT TTGGTATCAT GCCTTTTCTA TTTGTGCTG TCTTTTATA ATTCATTAA 4320  
 TAATACTCCT TTAAAATATC AAAATTTGAT AAATATAA 4358

25 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 455:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1060 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - 30 (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

35 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 455:

TTGACTTCTT AATTCAGCAT TTTCTGCACT TAATGCTTTG TTCTTTTAA TAAGTTGCTT 60  
 TCTTGCATAA ACTTCGGTAT CTATTTTACT ATTACTATAC CTTTGATTAA AACTAATAT 120  
 40 ACCAATTAAT GCTACAATGA TAATGATAAG TACAACATAA AAAGACATTT TTTCACCAAT 180  
 CCTTTTGGAC TTCTTTAACT TTGTATACAA TAATAATTAA TAAAGATTAA TTGTTATTCA 240  
 ATTTCCCACT TTTTATTAG TTGATTTTAG TTCATCATTG TTATAATCAA ATTATAAACT 300  
 45 GACAGATATT GATGTTCAAT GAATATGACG TGAAAGATTC GTGAATTCAA GTTTATGTCG 360  
 AATTTATGTT ATAACGGTCA TTAAATGAC AGAATTAGGT CACTCATAGT ATTTTGAAGA 420  
 TTGAATTCAT TAATTTTAAA ATGTATAATG ATATTTGTGA AAGCGCTTGC TTAGGAGGTG 480  
 50 TATTTGAGAG TGAATGAAAT GAATGCTAAA GAACAATTAG TGGACAATTT AATGAAAACA 540  
 TCATCGCAAT TATTTAAATT TCACGGTGAA GTTGCCATGC AGCTTTTCTT AAATGATGAA 600

55



AAAGTTATTC CGCAATCATA TCGGTTACTA TACATAGATA AGCAAGATCA AGCAATAGCT 720  
 AAAGAAGATT TATCACTTTC AAAAATTGCA AAAGTTTATG TGCAATATGA TGATACAACA 780  
 5 ATAATGAGTA TTTTCGTTTA TGATGTAGTA AACGATGAAT GGATTTTITAG ATTGGATCCG 840  
 AATATACGTA TACCTAAGAG TAACATATAC TTCCATAGTT TAAATTGGGA TGTGGATATA 900  
 TTAAACCGGA GtCGTCTAAT GTATGTCTAA TGCaCACCAT CAGaTCATCA TtATCCATTA 960  
 10 TAACGrGCAT AGTGCATAAn yACTWCAcTT TaTTaaATTG AGaGGgGCAC GATAGGTGCA 1020  
 TCAGGACATA ATATAGGAAG CATCAACGCG TGAnCAGGTC 1060

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 456:

15

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1262 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

20

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 456:

25 ATAATnACTA AATACnAAAG TTAACTGTC TTACTAATAA TGACTATGTT ATAATTTTAA 60  
 AAGTGATATT TTGGGTAATC GCTATATTAT ATAGAGGAAA GTCCATGCTC ACACAGTCTG 120  
 AGATGATTGT AGTGTTTCGTG CTTGATGAAA CAATAAATCA AGGCATTAAT TTGACGGCAA 180  
 30 TGAAATATCC TAAGTCTTTC GATATGGATA GAGTAATTG AAAGTGCCAC AGTGACGTAG 240  
 CTTTTATAGA AATATAAAAG GTGGAACGCG GTAAACCCCT CGAGTGAGCA ATCCAAATTT 300  
 GGTAGGAGCA CTTGTTTAAAC GGAATTCAAC GTATAAACGA GACACACTTC GCGAAATGAA 360  
 35 GTGGTGTAGA CAGATGGTTA TCACCTGAGT ACCAGTGTGA CTAGTGCACG TGATGAGTAC 420  
 GATGGAACAG AACATGGCTT ATAGAAATAT CACTACTAGT TTAGCTCTCC TAGATGATGG 480  
 AGAGCTTTTT TCATGAAAAG AACACTTAAA ATTAACGCCy TGTCTTGaTA tAATGACaCT 540  
 40 GCcTTGTTTT AAAATAGTAA GCGGATGCgT TAATGTATCA GCGATTAAAT TTGTTGGAAA 600  
 TGTATAAAAA ACACAAGCTA AGAATAAAAT ACCTGTATAA AAGGAGAATC ATATATGTTT 660  
 CAATTACTTG CAGTTTGTCC GATGGGATTA GAAGCTGTTG TTGCTAGGGA AATTCAAGAA 720  
 45 TTAGGCTATG AAACAAATGT TGAAAATGGT CGTATATTTT TTGAaGGAGA CGCAAGTGCA 780  
 ATTGTAAAGG CAAATTTATG GTTGCGCACA GCAGACCGAA TCAAAaTTGT TGTTGGACGT 840  
 50 TTTAACGCAA CAACGTTTGA CGAATTATTC GAACAAACCA AAGCGCTCCC TTGGGAATCT 900  
 ATAATTGATA AAGAGGGTAA CTTCCAGTT CAAGGTAGAA GCGTTAAATC AACACTACAT 960

55

TATAACGAAA AAGGTTGGTT AAATGAATCA GGTGCCAAAT ACCCTGTTGA AGTTGCCATT 1080  
 TTAAAAGATA ATGTATTATT GACTATCGAC ACATCAGGTT CTGGTTTGAA CAGACGTGGT 1140  
 5 TATAGATTAG CACAAGGTGA AGCACCAATT AAAGAAACGT TGGCAGCAAG TTTAATCCGT 1200  
 CTTGCCAAAC TGGGAAAGGT GATTACACCT TTnAATTGGT CCCATTGCG GTTCnGGTTA 1260  
 CA 1262

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 457:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1142 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 15 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 457:

CCTGGCTGCT TTATCAGCAT CTACTACTTT AAAACCGAAT ACGGATAAGA GTTCTGATAC 60  
 TGTTGATTTT CCTGAGGCGA TTCCACCTGT TAGACCAATA ACTTTCGGCA TAATTTCACT 120  
 25 CTTTCTTTAT TTTTGACATA CTGGACAATA ATGACTATTT CTTGTCGCGA TGATTTTTGT 180  
 TTCAATTTGA CTTCCACACA CTTTGCATAC CGGCTGCTTA TATACATTAA GATGCAATTG 240  
 CATCTCACCA GTTTTTCCAT CAGCATGACG ATAATCTGAA ATACTTGATC CGCCATATTT 300  
 30 AATACCTTCT TCTAGTACTT CTCTAACATA ATAAAAAACC ATTTCTTGTT GTTGGTGTGT 360  
 TAAGTCTTTT ACTTTTTTAT CTGGTAAAC ACCTGCACGA AACAACGCTT CACATGCGTA 420  
 AATATTTCCA CAACCTGCGA TTACTTTATG ATCCAAAATC ACTTGTTTGA TTGGTTTATT 480  
 35 CTTATTAGAC TGTTGATGAA TTCGATTAA ATAATACGTC AATGCTTCAT TTGAAAAAGG 540  
 TTCAGGCGCT ATTTCTAAAA ATGAAGGATA AGATGCTACA GACGCAACAT TTCTAATTTT 600  
 TCCAAAACGA CGTATATCTG AATAAATTAA CTTTTTGTC TTTGACAAC CAAAAATAAC 660  
 40 ATGCCAATGC TTACGATAAT TAGGTATCAT AATATCTTCA AGTTCATCTA CAATGAAAAA 720  
 ACCGCCCCGCC ATACCTAAAT GACTAATTAA TGTACGTTGT TCTCGTTTAT TATCTAGCTG 780  
 45 AAAAACGATA TATTTACTTC TTCGTTCTAC ATTTGTAATG GTATAGCCTT CCGATAAAGT 840  
 TTTAAAAGTA TCTAATTCAA TTCCTTTTAT AATTGTTTCC TTGCCTTGAG CTTTACCTTC 900  
 GATTACTTTA TCCGAAAATA TAACGTGTTC AATTTTTTGA TTTATAACGT AGGGTTCAAT 960  
 50 TCCTCTTTTT ACATGTTCTA CTTCTGGTAA TTCGGGCATA CCATTAACT CACTTTATTT 1020  
 TGCATCATAC CAGGTTGCAC CATAACTTGA GTCTACTTTT AATGGAACAT CTArTTGCAA 1080

55

TT

1142

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 458:

- 5 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1814 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

10

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 458:

15	CCTTTAGTAA ACAATCCTTC TTTAGTTTAA GTACGTTGTT CCAATCCAAA TAATTTGTAT	60
	TTCATTGCCT CGCCCGATTG AGTGCCGCTA AAGTTATCAT CTTTCATGTT AGGCGTGTTG	120
	GTAAACATGT GTATATCACT GTTTAAACGG TCTTTATAAG CTTCGGTACC TTGTACATCG	180
20	TATTGCTTAT AAATATAACC ACCATCAACA GAGCCTTCTG TTTCTCTACC TTCGCTATCA	240
	GCATAAACAG TCGGTTCTAA AAACAACACG TTAGCTTCCT TTTGTTTTCT AACTTCTACA	300
	GGATCTAAAT TTAAATTACC TTTAATAAGT AACATAGCGT CATTTAAATC ACTCATATAG	360
25	TTAGCAsymy CTGATTCAGC ATTATCATAC AAATCAATTA AAGTGATTAC TTTCTCATAA	420
	TCCCCTTTTC TTCTTTCGTT GTTGCTAAAT TCTGTAATAG GCATACGTTT GAAAGAGTGT	480
	GATTCAAAAC CGTTTTTCAG TGGTGTGAGC TTCAATCCAT TTGTTCTACT GGTAAGATAT	540
30	CTATAAACAC CGTGTGAAGT GAATAAATCA ACTGTAAACA CTTTCATCTTC GTCAGTCTTG	600
	TCTATTGGTT TAGTTCTTAA ATATCTAACG CCTGCGATAC TATTACGTTT AATTGTATTG	660
	TCGTATATGA CAAAAGTACT CATTGCATCA CTCTTGATA AACGCGTTTC ATCATCTTGG	720
35	TTTCTAATCA TTAATCATA AGCTTTGCCA TAAATTGACA AATCTAATCC TAAAGATCTA	780
	TTGTGTGACT CAACATCATT TAAATCATTG AACGCCTCAA TAACTTCTAA TACATCTTTG	840
	TCATCATCTT GATATTGAAT TGGATTACCC AAGAAATAGC CGTTGATAAA ATCGCTAATA	900
40	TAAGATGCGT AATCATGCGC TACACGGTTA TCTGCCATGT ACTCTTCTTT GCGTCGTGTT	960
	AACTCAACTA AGTTCTTAGT TTTACCTTCG TAATAATCAC TTAACACTTT CAATCTAGGT	1020
45	CGTTGGTAAT CCATGTGATG TTCAATGTAT TTAATTACTT CATTAAACGTT TTGTAATAAA	1080
	TCGGATTCCG TCCCGTCATA TGTGTAAACA ACATTGGCTT CATCATTAAA TAAGTAATTT	1140
	ATGTTTCCCC GTAGATCTGT ATCTGTTTCA AATTCGTTTA CTTTAAACAT TTGTTCCCTC	1200
50	CTATAATCCT AGAGATTTTA TTGTGTCAAC TTTCGAACTG AGATTTGTGC GTTTCTAAC	1260
	CGGTCTGTAG AATCGTTCCA CTGAATAACG CAACGAATCG ATACAATGAT TGTATGTATC	1320

55

CTCTTCAATA GTCTTGAAAC AACGTTTCATC AACAAATGATT TCAAATTGCA TTAAGAATTG 1440  
 TAACCCTTGT ACAACCGAGC CCTTCCCTTT TTTGGTTGGT AAAATCCTTT TAAGCCCTAG 1500  
 5 ATTCCTTAAT TCAGCTATAC TTTTGTGTTT TGCATATCT GCTGTAATTT CTTCTTTAGC 1560  
 ATAACCAAGT TGCTTTATGA CATTAGCTAT TTCATCATTG AGCATACCTT GTTTAACATA 1620  
 CTCTTCAATG ATGTATAACT TCTTTTCTT TACATCTATT TTAGAATGTA TAAAAGCACT 1680  
 10 AGGATCATTG ACGTAGCCAA AGTCCAATCC AAAATAAGAA GGTAATGTC TTAATCATC 1740  
 TTTATTTATT AAACGTTTTT CATACTTAGG GAAAACCAAT TTGTCTAGTG TAGCAAATTC 1800  
 ACCTAACGCA TAAA 1814

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 459:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 686 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 459:

AATTNAGATT ATTACCCTCC TTAAAAATA TTTGTTTCAC AATTTTTTAT TACCTATTTA 60  
 CTGGTTTCAT GTCTTATGGG GCATTTTACT TGTGTTGATT TGAAAATGTG CAAAATTTAA 120  
 30 TCTTATATGT TTCTTGGCTT TTCATGACTA TGCTATTTAT GTTTATGAAT ATGCATTCAA 180  
 TTATAGATAA AAAAGTACAT ATATTCTTAA AGTCTAATAA ATAGTTACAA ATTTAGTTAG 240  
 TTTTCAATTG TTAATTAGGG GTGGTAAACA GTGCTTTGTG AATCTAGACA AATTTATAAA 300  
 35 AATCCTAAAT ATCGAGTTAT TAGATATAAT AATGAATATT TCATGGTCTG TTTAGTAAGT 360  
 ACTTGGATTA CTTATTTTTT CCCTATGATT AATTGGTTTT TGCCCAAAA ATACGCAAAA 420  
 ATTAGCGAAA ATGAATTTGA AAGGTAAAT ATAGTCGAGC CTGTAAAAA TAATGTTTTT 480  
 40 TGGCCGGTTG CAGGAAGTTC AGTTCTATTT GGAATTATAT TGAGAAAGTA CGGTAAGTTC 540  
 TTTAATGTTT AGTTTGAAAA ACAACTAGCA ATCACTGTAT TTTTATCAT GTTAATAGGG 600  
 ATGTTAATTT TTTATTTTTT TCTAAATAAA AAATTAACAT TAAAAATTTT TAATACCAAC 660  
 45 GTGGGTAATA AGAATAGGAG TTGTAT 686

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 460:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1300 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 460:

5 ATCTGCAATT ATGGGCACAC CCAAGCTnAT GCAAGTAACT AAAGGAGAAG TACTTTTAGA 60  
 CGGTGTAAAT ATTTTAGAaT TAGAAGTTGA TGAAAGAGCA AAAGCAGGAT TATTCTTGGC 120  
 AATGCAATAT CCATCAGAAA TTACAGGTGT TACAAATGCT GATTTCATGC GTTCAGCAAT 180  
 10 CAATGCGAAA CGTGAAGAAG GACAAGAAAT CAACTTAATG CAATTTATTA AGAAATTAGA 240  
 TAAAAACATG GATTTTCTAG ACATAGATAA AGACATGGCA CAACGTTATT TAAATGAAGG 300  
 TTTCTCAGGT GGAGAGAAGA AACGTAACGA AATCTTACAA TTAATGATGT TAGAACCTAA 360  
 15 GTTTGCaATC TTAGATGAAA TCGATTCAGG GTTAGACATC GATGCATTAA AAGTTGTATC 420  
 TAAAGGTATT AACCAAATGC GTGGGGAAAA CTTTGGTGCA TTAATGATTA CACACTATCA 480  
 ACGATTATTA AATTACATTA CTCCTGATAA AGTACATGTA ATGTATGCTG GTAAAGTCGT 540  
 20 TAAATCTGGT GGTCCAGAAT TAGCAAAACG TCTTGAAGAA GAAGGATATG AATGGGTTAA 600  
 AGAAGAGTTC GGTTCAGCTG AATAATCTTA TTAATACAGT ATCCATGAGA TGTTCATCTA 660  
 25 TATATGATGA AAATGAACAT TTATACGAAA TAGTAAATTT CATCAAGTAG GAGGAAAAAG 720  
 TTATGACAAC TGATATTTTG rACaTtyCTG AAGAACAAC TGTGATTAT TCTAAAGCCC 780  
 ACAATGAACC TTCTTGATG ACAGAATTAC GTAAAAAAGC TTTGAAATTA ACAGAACTT 840  
 30 TAGAAATGCC AAAACCTGAT AAAACAAAAT TAAGAAAATG GGATTTTGAT TCTTTTAAAC 900  
 AACACGATGT AAAAGGTGAT GTTTATCAAT CTTTATCACA ATTACCTGAG TCAGTAAGAG 960  
 AAATTATTGA CGTAGATCAT TCTAAAAACT TAGTAATTCA ACATAATAAT ACGATTGCGT 1020  
 35 ACACACAAGT TGATGATAAT GCATCGAAAG ATGGCGTTAT CGTTGAAGGT TTAGCAGACG 1080  
 CTCTTATGAA CCATAGTGAT TTAGTACAAA AGTACTTTAT GAAAGATGCA GTAACAGTAG 1140  
 ATGAACATCG TATCACAGCG CTACACACGG CATTAGTTAA TGGTGGCGTA TTTGTTTATG 1200  
 40 TTCCTAAAAA TGTAGTTGTA GAACATCCAG TACAATACGT TGTGTTGCAC GACGACGAAA 1260  
 ATGCAAGCTT TTATAACCAT GTTATCATCG TTAAGAAGA 1300

## 45 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 461:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3135 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 50 (D) TOPOLOGY: linear

55



	GACAGCAAAT TCAAGATACA TTAAATAAAG ATATTGTCAT AAAGCATATT CTTGTTCGAG	60
	ATAAATCTAA AAAGAGACCG CTAAATATTA GCCAATATCA TTAACTGAA GATGTTAATG	120
5	AAATTTTAAA TGATGATTCA TTAGATATTA TCGTTGAAGT CATGGGAGGA ATTGAACCAA	180
	CTGTAGATTG GTTAAGAACA GCACTTAAAA ATAAAAAACA TGTTATTACC GCAAATAAAG	240
	ATTTATTAGC AGTACATCTT AAACCTTTAG AAGATTTAGC AGAAGAAAAT GGTGTAGCTT	300
10	TAAAGTTTGA AGCGAGTGTA GCAGGTGGTA TTCCGATCGT AAATGCCATA AATAATGGTT	360
	TGAATGCGAA TAATATTTCA AAATTTATGG GAATTTTAAA TGGTACCTCT AATTTTATTT	420
	TATCTAAAAT GACTAAAGAG CAAACGACAT TTGAGGAAGC ACTTGATGAA GCGAAAAGAC	480
15	TTGGTTTTGC TGAAGCGGAT CCAACTGATG ATGTAGAAGG GGTAGATGCA GCGCGTAAAG	540
	TTGTCATTAC ATCATATTTA TCATTTAACC AAGTCATTAA ATTAAACGAC GTTAAACGAA	600
20	GAGGAATTAG TGGCGTAACT TTAAGTATA TTAATGTAGC CGATCAACTG GGGTATAAAA	660
	TTAAATTGAT TGGTAAGGGA ATATATGAAA ATGGCAAAGT TAATGCATCG GTAGAACCAA	720
	CGTTAATTGA TAAAAAGCAT CAATTAGCAG CTGTAGAGGA TGAATATAAC GCGATTTATG	780
25	TTATTGGTGA TGCCGTTGGT GACACGATGT TTTATGGAAA AGGAGCAGGC AGTTTAGCAA	840
	CAGGTAGTGC CGTTGTCAGT GATTTATTGA ATGTAGCATT ATTCTTTGAA TCAGATTTAC	900
	ACACATTGCC ACCACATTTT GAATTAAAGA CAGATAAAAC ACGGGAAATG ATGGATTCAG	960
30	ATGCAGAAAT TAATATTAAA GAAAAATCCA ATTTCTTTGT AGTAGTGAAT CATGTCAAAG	1020
	GTTCAATTGA AAATTTTGAA AATGAGTTAA AGGCAATATT ACCATTTTAC CGATCATTA	1080
	GAGTTGCAAA TTACGATAAT CAATCATATG CCGCTGTTAT AGTTGGATTG GAATCATCAC	1140
35	CGGAAGAATT AATCACTAAG CATGGATACG AATTGACAAA GTATACCCAG TAGAAGGAGT	1200
	TTAATTATAA TGAGAAGATG GCAAGGATTA GTAGAAGAGT TTAAAGCACA TTTACCAGTA	1260
	AATGAAAATA CACCAAATT AACATTGAAC GAGGGAAATA CACCACTCAT TCATTGTGAA	1320
40	AATATGTCTA AAATACTAGG CATAGATTTA TATGTGAAGT ATGAAGGTGC CAATCCGACA	1380
	GTTCAATTTA AGATCGCGGT ATGGTAATGG CTGTGACAAA AGCAAAGAG CAAGGTAAGA	1440
45	AAATTGTAAT ATGCGCTTCG ACTGGAAATA CATCAGCGTC TGCAGCAGCA TATGCAGCGA	1500
	GAGCAGGTTT AAAAGCTATC GTCGTAATAC CAGAAGGTAA AATTGCATTA GGTAATTGT	1560
	CGCAAGCAGT AATGTATGGT GCAGAAATCG TTTCTATTGA AGGAACTTT GATGAAGCTT	1620
50	TAGAAATTGT AAAAGAAATT GCAAAAAGTG GCGAAATCGA GCTTGTAAC TCTGTCAATC	1680
	CATTTAGAAT CGAAGGACAA AAGACAGGCT CATTTGAAAT TGTACAACAA TTAGACGGTG	1740

55

	AAGGCTTTAA AGAATATCAT GAAGCTAAAG GATCACAATT GCCGAAAATG TTTGGCTTCC	1860
	AAGCTGAAGG CGCATCACCA ATTGTTCAAA ATAAAGTCAT TAAAAATCCT GAAACGATTG	1920
5	CAACTGCTAT TCGAATTGGT AATCCTGCTA GTTGGGATAA GGCGACTAAT GCTCTTAAAG	1980
	AATCAAATGG ATTAATAGAT AGTGTTACTG ATGATGAAAT TCTAGAAGCA TATCAGTTAA	2040
	TGACAACTAA AGAAGGTGTC TTTAGTGAAC CAGCGAGTAA TGCTTCTATT GCAGGTTTAA	2100
10	TTAAATTGCA TAGACAAGGT AAATTACCTC AAGGTAAAAA AGTAGTTGCT ATTTTAACTG	2160
	GTAATGGATT AAAAGATCCT GATACTGCTA TTTCACTACT AGATAATCCG ATAAAGCCAT	2220
	TGCCAAATGA TAAAGATAGC ATTATCGATT ATATTAAAGG AGCTTTTATAA CATGTCGAAT	2280
15	GTTTTGGAGT TAACAATTCC TGCATCAACA GCCAACCTTG GAGTTGGCTT TGATTCTATA	2340
	GGTATGGCTT TAGATAAATT TTTGCATCTG TCTGTAAAGG AAACATCAGG GACAAAATGG	2400
	GAATATAITTT TCCATGATGA TGCATCTAAG CAATTGCCTA CTGACGAAAC AAACITTTATT	2460
20	TATCATGTAG CACAACAAGT TGCTTCTAAA TATAGTGTTG ACTTGCCTAA TTTATGTATC	2520
	GAAATGAGAA GTGATATTCC ATTGGCAAGA GGGTTAGGTT CGTCAGCTTC TGCTTTAGTA	2580
25	GGAGCTATAT ATATCGCAA TTTATTTTGGT GATATCCAAC TGTCTAAACA TGAGGTATTA	2640
	CAATTAGCGA CTGAAATCGA AGGACATCCT GATAATGTTG CGCCGACCAT TTATGGTGGT	2700
	TTAATCGCTG GATATTATAA TGATGTCTCG AAAGAAACGT CaGtGCACA TATCGACATA	2760
30	CCAGACGTGG ATGTGATTGT AACGATACCA ACTTATGAAC TAAAAACAGA AGCATCAAGA	2820
	CGTGCTTTAC CACAAAAATT AACACATAGT GAAGCGGTTA AAAGTAGTGC AATTAGTAAT	2880
	ACAATGATTT tGgCATTAGC ACAGCACAAT TATGAATTAG CAGGTAAACT CATGCAACAA	2940
35	GATGGCTTTC ATGAACCGTA TCGTCAGCAT TTAATTGCTG AATTTGATGA AGTGAAAACA	3000
	ATTGCTAGTC AACATAATGC CTATGCAACT GTAATTAGTG GTGCTGGACC AACTATTTTA	3060
40	ATATTTAGTC GTAAAGAAAA TAGTGGGGAA TTGGTTCGCT CTTTAAATAG TCAGGTAGTA	3120
	TCATGCCATT CTGAA	3135

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 462:

45	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
	(A) LENGTH: 1209 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 462:

55

	AGnTCAATAT TTAGATCAAG CCGTTTTAAG TAATTACGAA CAAGTTTATA TCATTCATGG	120
	TAAAGGTACA GGTGCACTTC AAAAAGGTGT ACAACAACAT TTGAAAAAGC ATAAAAGTGT	180
5	TAGTGACTTT AGAGGTGGTA TGCCAAGCGA AGGTGGATTT GCGGTTACCG TTGCAACACT	240
	AAAATAAATT ATAATTTGAT AAATTAAATA GCTGCAGTTA AAATAATGTA AAGCAACAAG	300
	AATACATTTT AAACATGTTA TTTGAAATAA GCATAAAAAT TGAGCAAATA GAAATACATG	360
10	AAGCATGTTA TCTGATATAA TTTGAACATC ATAATAATAA TTAAGGAGGA TTGGCATTTA	420
	TGGCAATCGT AAAAGTAACA GATGCAGATT TTGATTCAAA AGTAGAATCT GGTGTACAAC	480
	TAGTAGATTT TTGGGCAACA TGGTGTGGTC CATGTAAAT GATCGCTCCG GTATTAGAAG	540
15	AATTAGCAGC TGACTIONGAA GGTAAAGCTG ACATTTTAAA ATTAGATGTT GATGAAAATC	600
	CATCAACTGC AGCTAAATAT GAAGTGATGA GTATTCCAAC ATTAATCGTC TTTAAAGACG	660
	GTCAACCAGT TGATAAAGTT GTTGGTTTCC AACCAAAAGA AAAGTTAGCT GAAGTTTTAG	720
20	ATAAACATTT ATAAGTTACA ACCAATGACG ACTGGGGCAT TTCTTTAATG AATTGCTCCA	780
	GTTTTTGT TTGTTTTTAA TATAAAAAGT TGAATGATAA GTCATCATAT TGTTTACGAC	840
25	TTGAGAATGG TGGGATTAAT AAATCTATGA ACGTTAAATG ATAATCTAGC ATGCTGATAG	900
	ATTTGTAGCA GTTGGTTTGA TAAACCATG TTCAATATTA CATGATGTGC ATGAAAAGTC	960
	ATACTCGAAG ATGTTGATTA TTAAGTAGAA TTAGTGGTGA TAAATTTGAA GCACTTTTGT	1020
30	AGCATCATTC ATTTTAAAAT TAGAAGGGGG GATATTTTTG GAAGACTATA AGCAACGAAT	1080
	TAAAAATAAA TTAAATGTCTG TACCTATGGA ACCAGGATGC TATTTAATGA AAGATCGTAA	1140
	TGATCAAGTG ATATATGTTG GCAAAGCTAA AAAGCTAAGA AATCGATTGC GATCATATTT	1200
35	TCACGGGTG	1209

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 463:

40	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
	(A) LENGTH: 2410 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

45	(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 463:
----	--

	AGTTCAACAC GACGAATTTT ACCTGAGTTT GTTTTTGGTA AGTCGTCAAC GAATTCAATC	60
50	TCTCTCGGAT ATTTATATGG TGCAACTTCA TTTTAAACAA ATTGTTGTAG TTCTTTAACT	120
	AACGTATCAT CACCCGCAGT ATGGTCCTGT AAAATAACGA ATGCTTTAAC AATATTTTCT	180

55

	GCATCTTCAA CTTCAAAGG CCAATCGTA TAGCCTGAAC TAATAATAAT GTCATCTCGA	300
	CGTCCTTCAA ACCAGAAATA ACCATCATCA TCTACATGAG CTAAGTCACC AGTGATGTAG	360
5	TATTLACCTG TTTGCGCTTT CGCCGTACGT tCTGGCTCTT tATAATACCC TTTGAAAAGT	420
	GCTGGCAAAT CAAGTGGTAC TGCAATATTC CCTTTCGTAT TAGCAGGTAC GCTATTCCCC	480
	TCATCATCTA CTACAGTGAC CGAACTACCC GGAATGCCTT TACCCATTGA TCCAATCCTC	540
10	TGTGGTGTAT CTTTAAAAA GCCTATAAGC AAGGTACTTT CAGTCTGGCC ATATCCATCT	600
	CTTACAGTTA AATTAAAGTA TTTCTTGAAT TGTTCAACTA CTTCTCGATT TAGTGGCTCA	660
	CCTGCAGAAA CGGCACTATG TAAATGCGTT AAGTCATAAT CATTTAAGTT CTGTAATTTA	720
15	GCCATCATAC GATATTCTGT CGGTGTACAA CATAAAACAT TAATTTGATA TTTTGAAGC	780
	AATTCTAAGT ATGTTTCAGG ACTGAACCTT CCATTAAATA CAAAAGCAGT TGCACCTGAA	840
20	CCTAATACAG ATAAGAAAGG ACTCCATACC CATTTTTGCC AACCTGGTGc TGCTGTTGCC	900
	CAACTAAGT CATCTTCATT aATACATaAC CAATGTTTTG GTGCCATTG TaAATGTGcA	960
	AATCCCCaTC CATGACAATG TGTAACGGCT TTAGGATTGC CAGTTGTACC AGATGTATAT	1020
25	GACAGAATCG CCATATCATC ACGCGTCGTA TCTGCCATTT CTAGTTTGTT ACTTGCCTTT	1080
	TCTTTTTTCAG CTTCAAGTGA AATCCATCCA TCTTTTTGAC CGGCAATAAC AAATTTAGTT	1140
	AACGCATCAT ATTCTTTAAT TTTTCAAAT TCAACTGTGA ATGGCTCTAG TGCAATAACT	1200
30	GCATTAATTT CACCATGTGT GATACGGTAT TGTAATCTT TAGTTCTTAG CATTTAGAA	1260
	CATGGAATGA TTGCAACACC TAATTTTAAA GCAGCAATAT ATAATTCATA CGTCGCAATA	1320
	GATCGTGGCA TCATAATGAG TACTTTATCG CCTTTAGATA AACCGTGCGA TGCTAAAACA	1380
35	TTACCTACTT TATTAGACTG TTCAATGAGC TGTTGGTAAG TGACTGATAT ATCTTCGCCT	1440
	TCAGTATTAT GATATAAAAT TGCCTTTTTTA TCTGGTATGT GGCTATATTT TTCGATTTC	1500
	GAAATAATGT TATATTTTTC AGGCGCGAAT AGAGCTGACT TTTGCATAAC TAACTTCCTT	1560
40	TCATACATCC ACTTTTCCTG TGATGAACAT TGTAATTTTA TAAATGAATT ATATACATCA	1620
	TACGCCTATC TTTACAGAAT TTTCAATTAA ATAGGGTTAA ATACCAAAGT CCTCGACACT	1680
45	ACACTTTGAC ATGACGTAGC ATTCAAGGAC TTTCAAATGA TTGAGGGTTG ATATCTCGGG	1740
	CTAGACCATA TCAGCTAATT CAATACGAAT ATTGTATGAT AATTCACGAT TAATTATTTT	1800
	TACATCTGCA CCTTTCGAAG TGCCACGATG CTTGTGTGTA TGCTTGTAAT CAGCTGAATT	1860
50	TTGCCAATGA TAAATGCTT GCCTATTTTC CCACAGCGTA ATAATGATAT AGTGTCTACC	1920
	AGCTGTTCTA GGTCTTAAAA ACCTTAATGC TTAAATCCA TCAACGTTTT TTAAATGCTT	1980

ATTTAACACA CATAATGAAT CATTTGATAA ATCATTATC GCTTCTAGCA CATCGTAATA 2100  
 TGCAGTGTCA TTATTTTTTT GTATTGTGAG ACAATCATCC AGTTCTTCTA TTACATAACT 2160  
 5 TCTATATTCA TCATAAATTT TCATAATAAA TGCCTTCATT TCATTTATAT TTTTGGTCAT 2220  
 ATTACTKTAT ATCTATTACT AAtkCATTCC CGTATTTATT AATTACAATC ATAGTTTGGC 2280  
 TYCTTTTTTAA AAGATAAGAC TTTGTAAAAA GTATTAATAT TTCATGCAAA TGGGGGACAG 2340  
 10 GAGTCGCCCCA CTATTTTTTGT GTCTTCAATT TCATGATCAT TATTTAACAT TAGTCATGAA 2400  
 AATAGCCGAC 2410

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 464:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 590 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 464:

25 TTTATTAATT GTAAAAAATT GAGTAAATTA TCTTTACATT CTAAATTAGT CTTAACTACA 60  
 ACTAGTATCC TAATAATTAT AGGAGCTATT ACATTCTTTT TATTAGAACA GTTTAATACT 120  
 ATGCAACATA TGGGACTAGT TGAAAAAATC GGAAATTCTT TTTTCCAATC AGTAACAACA 180  
 30 CGAACAGCGG GTTTTAACAG TATAGATATA GCAAGCATTa rCAAATCTAC CGCATtAaTG 240  
 TTAATGCTAC TTATGTTTAT TGGTGGTGCC CCTCTCAGTG CAGCTGGAGG AATTAAAATA 300  
 ACTACTTTTG CAGTTGCGTT TATTTTTGTA CTAAATTATA KACGTAAAGA AAATAATGTT 360  
 35 TCAGTATTCA ATAAAGAAAT ATCTGACAAA CATATAAAAC TATCTATTGT TACCATTAAAT 420  
 ATCTCATTTC TATTATCAG CATCATTACT TTTATATTAT CGATAATTAA TCCGAACATA 480  
 TCATTAATCA AGTTATTATT CGAAGTGGTT TCTGCATTCTG GAACAGTAGG GTTAAGTATG 540  
 40 AACCTTACCA CAGAATATCA TGGTATTACT AAAATAATTA TTATATTCGT 590

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 465:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 905 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 465:



TATTCGATTT GAnTCTTTTA AAATTATGTT TAAAAACATG TCTAATGATT CCGCATCATT 120  
 TTTTGCACCA TCAATAAGCG TTTcAGcAAA CCCCTTAATT GAAGTAATAG GTGTTTTTAA 180  
 5 TTCATGTGAA ACATTTGCTA CAAATTCACG TCTTAGATTT TCAAGTTGTT TCAGATTTGT 240  
 TATATCATGC ATCACAaACTA AAATCCctTG CAAACTTTTT TGAGACCTAG TTAAAATCGG 300  
 AACGCATGAA ATATCAAAGT ACTTGGCATG GACTTGGTTT ATTGCAACTT CCAATTGTTC 360  
 10 ATAAATAGGT TTTTCAACTT TAAAACTTTC TAAAATTAAT TGCTCAATTT CAGTATTAAC 420  
 ATAGCCGTGA TAGCCTACTT GTTCAATATT ATGCGAGATG TTGAACTGTT CATAATACGC 480  
 TTTATTTGCA ACAACGATTT TTCCATTTTCG ATCTATCATT AAAATAGCAC TTGGAATATT 540  
 15 TTCAATCGTT GTTTTTAAAC GGTGATTG AATTTTTTGC TCATTATTAA GCTTTTGAAG 600  
 GCGTCGTGCT AAATCATTGG TAGACACAAA AAGCGCTTTA GTTCTACAA CATTACTTTC 660  
 AGGTACACGT ATGTGATAAT AACCATTTCG CAACAATTGT GTTGcATAAG TAACTTCTTG 720  
 20 AATGGGACGG ATTAATGTAC GCTTAAAACT ACGGCTTGCA AAATACAGAC AAATGAGTAC 780  
 AACTAAACAT GTCAAAATAA GATATTTCCA CAACGTCCAA TGCATTTCTG TAATATCGTT 840  
 25 ATTGTAACCT TTAATCCATA CATGATAACC GTTAACCTTC TTATtAAAAA TAAAAACGTC 900  
 CCTTT 905

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 466:

30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1016 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

35

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 466:

TTTGGTTAGC CCATAAAAGA AAAAAACAAG TAGTCATTTT TAAACAACAT ATCAAGTCTA 60  
 40 CCCAAGAAAT ACGTTTTGAC AAAGCGAAAG TGCTTGAACA CAAAGATGAA ATAGCAAATT 120  
 TTATTTCTTT CGAACCACAA AGTTTTGAAT TTTATTATTT TACAGAATCG GAATTTTCAG 180  
 AAGAACAATT AAATGAAGTT TCGCCAATTA GAATTAAATT CAATGTTATA AGACACACAA 240  
 45 AAGATTTGaT AAAGCATATG CCGAATATAT TTTTGGcTAG ACTTATTTCA GAAGATAATG 300  
 ATAAAAAGAC ATATATGTTC TATAAACGCA AAGTATTAAC CGATAACTTT TTAGATAAAT 360  
 50 ATATGCAGAA ATTTTCACCG GCAACATACA CAATAATATT TGTAATGTC TTAATATGGT 420  
 TATGTATGAT TTTATATTTA AATAATTTTT CGGATGTAAA ATTATTAGAT GTTGGCGGGT 480

55

ATTTTAGTTT TGAACATATA CTTATGAATA TGCTTTCATT ATTTATTTTT GGTAAAATAG 600  
 TCGAAGCAAT TATTGGTTCA TGGCGGATGT TAACTGTATA CTTTATTGCA GGGTTGTTTG 660  
 5 GAAACTTTGT ATCACTATCA TTTAATACGA CTACAATTTC AGTTGGGGCT AGTGGTGCTA 720  
 TATTGGTCT GATTGGATCA ATTTTTCGA TGATGTATGT TTCAAAAACA TTAAACAAAA 780  
 AAATGTTAGG ACAGTTATTA ATTGCATTAG TGATATTAGT TGGTGTCTCT CTGTTTATGT 840  
 10 CAAATATAAA TATTGTGGCG CATATTGGAG GATTCATTGG TGGTTTATTA ATAACTTTAA 900  
 TTGGCTATTA CTATAAAGTG AATCGtAATA TTTTTGGat TtActAATTG GTATGctTgt 960  
 15 tATATTTAWT GCACyTCmAA TTagAtTTTT ACmATTAAAG AAGATAATAw TTATAA 1016

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 467:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 406 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 467:

AACTTTAAAT TTAGACATCT TTAACCTC TCTTAAACCA TGCCTATATC TCAAGATGAT 60  
 ATTTCAAATG AACAACTA TTGCTTGAGA CCATTAATGA ATGATCATAA ATATTTCTTT 120  
 30 CTATAAAATT AGCTTTCCAA TAACTGTGTT GTTGCAAT ATCATTACCA AGTACACCAT 180  
 TTTCGGAAGT ATGATTATCT TTATCTATAC TTAACAAT TTGTTTAGTT TTAGCATGGC 240  
 TAAATTGTTG AAGACCCTTA CACGATAAAC GTATAGCGTC TGAATTCTCA TTAAACAATG 300  
 35 CGGCTGGgCA AACAAATGAC ACATTGTACT TCATGTTTGA ActTCGTTAC AATCaTCGTG 360  
 kCatTTTGat AAATAACAAT CCCTCGTAAT kGATTAAGTA TATTAT 406

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 468:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1378 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 468:

AGATAATACA CTTGAAGTTG GAATGGTTTG TGACGGTTAT TTAATGCGAA TTGAAACTT 60  
 AACACCATCA AATTTCTTCA ACTCAGCAAG TGAAGATACG ATTACTAAAA TTAAATTAAA 120

	AGGTACAGCG TTAAAACTAA GAGAAGCCAT CAATTATGAT GAAATGGTTA TTGTAGATAG	240	
	TATGACGTAG TTCCTAATTA TGCKAAAAGG GATTGATGAA AACTGAAGG GCTTTTCATC	300	
5	AATCCCTTTT ATTTTAGGGG AATTGAATAG ATAGTTTAA ACTATACGAA TTATTAATAT	360	
	TTGAGATTTA ATTGAAATAA GTTTTAAAAA TTGAGGAGA TAGATTAAGC GAAGTCATTT	420	
	AAAGGTGAAG TTAAGTGTAT TCACAAAAAn TAGCCACACT CATATGACAT CGGATGAGTG	480	
10	TGGCTTAAGG ATCTATGGGG GGAGGAAnCC ATAGATGTTT ACTTTGATAG GCCAGATTAA	540	
	ATATCAAAGT ATGCGATTAT TTATAGCTTG ATGCAAAAGT GGTATGCCTA TTAAAAGTTA	600	
	CTGCACATAG CTTTAAATAT TCCGTTCAAA GGAAAGGGGC ATACAATTGA ACAATCTGTA	660	
15	ATAGTACTTT TAACCACTTA TGTAAAGG CTAGTAGGGA GAACAGTTGT TCAATCACAT	720	
	AAGAACCTCT AACTTCGTTA GTACGATTAA GAAAAGCTTT TTAGTTAGTA TGTAATACAA	780	
	TTTATTGACG CGCGTGAATC TCTTTTATAA GAGTGTGTAG GGAATGGCGT TGTATAAATT	840	20
	TTATTAGAAG AACTTCTAAC GCATCTCTGT GGTAAAAGA GATGAAGGGA ACGACAGTTT	900	
	ATTAAAACT GCATAAGAAC TTCTAGCTTT TCTCTCTCGT TCAAAGAGAA GCAGCTGTTC	960	
	TCAGTTTAAT CAAAACCACA TAAAGCTTTT AACTTTACTC TTTGATTAA AGAGTGATAA	1020	25
	ATGTTTACAG TTTAATTAAA ACTGCATAAG AACTTCTAGC TTTTCTCTTT CGTTCAAGAG	1080	
	TAGCAGCTGT TCGCAGTTTA ATCAAAACCA CATAAAGCTT TTAACTTTAC TCTTTGATTT	1140	
	TAAGAGTGAC AAATGTTTAC AGTTTAATTA AACTGCATA AGAACTTCTA GCTTTTCTCT	1200	30
	TCGTTCAAA GAGAAGTTCT AATACCACCA TATCGTGCGA TCGGGAACGG TATATATATT	1260	
	TATAGGAGGG TAATATATAT TTAACGCACG ATATGGGACT ATTAGCCTTC GACTTTGTTA	1320	
	IGTTGATGTG TGGCCTAAAA TATTGGAGAT ACCAATATTT TAGGTTGCAT CAACATCA	1378	35

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 469:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4171 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

40

45

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 469:

ICCCAACCAA TAATCGTGGC AAAAATACGG ATATTGGTAT GGCTTAACAA ATTGCAAATA	60	
TCGTTTAATC ATACATCCCC CCTAATCTAT TGCCCTATCC TATTCaTAAG CATAAAAATG	120	50
TATAGAGGTT GGATACATAA TTTGTAGATG TAAATTCCTC TTACAATTTA CATTTTAAAA	180	

55

	TTATATTCTA TTCAATTTAA TCTATGGATA CTGTGTCCCC ACACGACAGC AAAAGTTATC	300
	ATACTTCTTT ACATCACTAA GTCAATATAA ATGATTTAAT CAGTATTTAC ACTTTATTTG	360
5	CTTAATACTG TCTAATTTTT TTGTAACGTT CTTTCCAAAC TTTGATAAAA TCTGGCGCGA	420
	ATGGGCCCTT CTTCTGTTCT ATCCATTGTT GAAGAATGTC CACGTTGCGT CTAAAAATAA	480
	TATCAATATC ATGCGGATAA TTCATTTGAT TCATATGTTG CTCATATTCA TCTTCATCTA	540
10	ATAAATGATA CTTTCCGTTT GGATATACTT TAATATCTAA ATCATAGTCT ATATATTTTA	600
	ATGCCTCTTC ATCACAAACA AATGGTGATG ACAAATTGCA ATAGTAATAA ATTCCATCTT	660
15	CTCTAAACAT GCAGATAACA TTaAACCAAT ATTCTGAGTG AAAGTaACA ATTGCCGGTT	720
	CACGTGTTAT CCAAGTTCTT CCGTCACTTT CAGTCACTAA CGTATGATCA TTTCCACCAA	780
	TGACAACATG ATCAGTACCC TTTAATATTG TTGTTTCAGA CCAAACGCGA TGAATCTTAC	840
20	CATCATGTTT ATAACTCTGA ATTTTAATGT TTTCCCCTTC TTTAGGTATG GATTCTCTGA	900
	CCATACTCCA CACCACCTTC TGTTAATTTA ACCATTATAA ATTATAGCAT ATTTCAGAAA	960
	TAGTATTATA TAAATACATA TTTTACGAA ATAAGATTTT ACTACTTAAT AATTAAACTC	1020
25	GGTAATATTG CTAAGTACTA CAACAGAGAT TTACATGTCC CATTTAAAGT ATATAAAATC	1080
	ATCACTTTTA TATATCAACA CTTTAACTTT TTGACATTGT TATTCTATGA GATTAAAGA	1140
	TATCATTTAT ACTTTTAAA ATTAATGTCA CTATGTTTTT CGATAATATT ACCAATCATC	1200
30	GAATGTTACC CATTTATAAA TTGATAAATs TTTGACATAG GTACAGGGAA TGTATATTGA	1260
	TCTCGATCAC TTAAATCAAA CCAAATCATG TCATCTGGTA ATGTTTCAAT GTTAATTGCT	1320
	CCTGAAACGG CGTATACTTT AATCTTCCAT GTTAAATGAG TAAATTGATG CTTCAACTCA	1380
35	AAAATAGGTG TTTCTACTGG TTGAATGTCA TGACCGATTT TTTCAAGTCAT TTTACGTCTA	1440
	GCATGCTCAC TTTCAAACAT AGGAAATTGC CACATACCAT GCAATAATTT TTCGCTACGC	1500
	TTTTGCAACA GATATTGACC TTGATTATTT CTAATTAAAA AGACGGATTG CTCAATTACT	1560
40	TTTTTACTTA CATTTT TAGA TTTAACAGGT AACTTTTCAA ATGTACCTTT ATCAAATGCC	1620
	TCACAGTTTT CTTGAACTGG ACAAATAAG CATAATGGAT TTTTGGTGT ACAAATTAAC	1680
45	GCCCCTAATT CCATCATAGC TTGATTAAAC GTTCCAGCTT CTGTAGTAAC ATACGGTAAT	1740
	AATTCTTGTT CGTACGATTT CCTCGTCGAT TGTAATTTAA TATCTCGATA GTCATCATTC	1800
	AATCTAGACC ATACTCGAAA AACATTTCCG TCTACAGTTG CTAGTGGTAC ATTATATGCA	1860
50	ATGCTCATTA CTGCAGCTTG TGTGTATGGG CCAACACCTT TTAACGCTTT AAATTGATCA	1920
	GGATCTTTGG GAACTAAGCC TTCATATTTA TCATGAACTT CTTTAATCGC CGTATGAAAA	1980

55

	GCTTGaCTCA	AACTTCCAC	AGTTGGAAAT	CGTTCAACAA	AACGATGATA	ATAGTCAATA	2100
	ACTGTTTTAA	CTTGTGTCTG	TTGTAACATG	ACCTCACTTA	ACCAAATATA	GTACGGATTG	2160
5	GTCGTTTGTC	GCCATGGCAT	TTCTCTTTGA	TTTTCATCAA	ACCAGTGTAT	CAAATTTTCT	2220
	TTAAAACTAG	ACTGCTGATA	CATTTATAAA	ACCCTTTCCT	CACCAAAATT	AATTGTCTTT	2280
	ACTCATAATG	TTTTTATTGT	ACATTAAAAT	CATGGTTAGT	ATGTAAGTTA	ATTTAGTTAT	2340
10	TTGCGAAATT	GGATTATAAT	AGTATATATA	ATATTATGAA	ATGAGTGAAC	TGATATGGAC	2400
	ACTGCAACAC	ATATCGCAAT	TGGGGTGGGC	CTTACAGCAC	TTGCAACTCA	AGATCCAGCA	2460
	ATGGCTTCTA	CGTTTGGTGC	AACAGCTACA	ACCCTTATCG	TTGGTTCATT	AATTCCTGAT	2520
15	GGGGATACTG	TTCTTAAATT	AAAGGACAAT	GCAACATATA	TTTCGCATCA	TAGAGGTATC	2580
	ACGCATTCCA	TCCCTTTCAC	AATACTATGG	CCAATTTTAA	TTACATTTTT	AATATTCACG	2640
	TTCTTTAGTG	GAACCAACCC	ATTTTCATGTA	TGGATGTGGG	CTCAGCTCGC	AGTATTTTAA	2700
20	CATGTCTTTG	TAGATATATT	CAATTCTTAT	GGTACACAAG	CGCTTAGACC	TATCACAAAC	2760
	AAATGGATTC	AATTAAGTGT	GATTAAACACA	TTTGACCCTA	TTATTTTCAC	AGTTCTTTGT	2820
25	ATTGGTATTG	TATTATGGGT	TATAGGCTTG	CATCCATTG	CAGTCTTCTT	TCCTATAATC	2880
	GCTTTACTAA	TCATTTATTA	CATGATTCGT	TTTAAAATGA	GAGCCGTAAT	TAAGCAACAA	2940
	GCTTTAAAAG	CAATTCAACA	AGAGCATCAC	CCTGTAAAG	TATTTGTTGC	GCCAACAATA	3000
30	AAATTTATGG	AATGGCGTGT	CGCGATACAA	ACTGATGCAC	ATGACTATGT	TGGAAAAGCA	3060
	TATGGTAGGA	ATGTGGTGTT	TAGTGATAAA	GTGGAACGTC	AAACATTATC	AACAGACTCC	3120
	ATTTTATGGA	AAGTCAAAGG	TAATAAAGAT	ATACGTACTT	TTTTAAACTT	TTCATCAATC	3180
35	TATCGTTGGC	AAACAACAAC	GTTAGCAGAT	GGTTCTACTG	AAATTCGTTT	GATTGATTTG	3240
	CGTTATTTAA	AAAATGATCA	TTATTCATTT	GTGGCAATTG	CACATGTAAC	AAACGATAAT	3300
	GTCATAGACC	ACTCTTATAT	TGGCTGGGTA	TTTACAGAAG	ATAAGTTACA	ACGTAAACTG	3360
40	TATGCTAAAT	AATTTCAAGT	TATTATTCAC	TAAAGTTAAT	CTATAAAAAA	TGAACAACCG	3420
	GCCAGAATGA	AAATCAAAAC	GATTTTTTACT	CTGTCCGGTT	TTTAAATGTA	AAACTATGAA	3480
45	TGCTTTTACA	AAATCTAAAA	TTTATATTGT	TGCTAACAAA	CTACCTTTAA	TGACTCGAAA	3540
	TATCAAAATC	AGTATAGGAA	AACAATATCT	AGATGATATT	CTAATTGTTT	CTGATTCTCA	3600
	CAGATTAATT	TACACAACAG	GTCAGCTAAA	CATCATGAAG	AAGTATCCGC	CTCGTCTGTA	3660
50	CTATCATTTG	AAACATCCTG	TTGATTATCa	GTTTGTGTCA	CTTTAGATGT	TTTATTaTAA	3720
	ATTGCGTGTG	TCGTATACCT	TGCTAATACG	AAATTTACTG	CAGCTATTAA	ACATAAGAAT	3780

55



TGTGCTATAC CATTACAAT GTAATACATT GGATTTAGCA TTAGGATGTG ATTGATAAAT 3900  
 ACATGATTTG GATTTGGTAT GAAAATAATT GGTAACAATA AGAAACACAA TACACAAACC 3960  
 5 CCATAAAATA TGATATTTAT TTTTTCAGWT AACAGTCGAA TAAGACCAA AGTAACGGAT 4020  
 ATTAATCCTA CAAAATAGT TGCCATCACA ATAAAATAGA ATAGCGCTAT ATATGATGTT 4080  
 TCGAAGTTTA CTGGTTTAAC CAATGCACTA ATCATCGTCA AAATGACTAG CATAATAAAA 4140  
 10 CTTAAAATAG ACATAATAAC TACTGGCGTC G 4171

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 470:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 9821 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 470:

TGGTTGAAGT AGCAGTTAAT TCAAAATCTG CAACAGTTTC AGCAGAATaG GGGCTTTCAA 60  
 25 AATAATcAAA GGAGAATAAT TTATGACTAA AACTTTAAAG GTTTATAAAG GAGACGACGT 120  
 CGTAGCTTCT GAACAAGGTG AAGGCAAAGT GTCAGTAACT TTATCTAATT TAGAAGCGGA 180  
 TACAACTTAT CAAAAGGTA CTTACCAAGT GGCATGGGAA GAAAATGGTA AAGAATCTAG 240  
 30 TAAAGTTGAT GTACCTCAAT TCAAAACCAA TCCAATTCTA GTCTCAGGCG TATCATTIAC 300  
 ACCAGAACT AAATCAATTA TGGTAAATAC CGATGACAAT GTTGAGCCAA ACATTGCACC 360  
 AAGCACAGCA ACGAATAAAA TATTGAAATA TACAAGTGAA CATCCAGAAT TTGTTACTGT 420  
 35 AGATGAAAAT ACAGGAGCAA TTCACGGTGT AGCTGAAGGT ACTTCAGTAA TCACTGCTAC 480  
 GTCTACTGAT GGAAGCGATA AGTCAGGACA AATTTTCAGTG ACAGTAACAA ACGGATAGGG 540  
 ATTTAAGGCG CAGTATATCT GCGTCTTTTT TATTTGAATA AAAGGAGCTA ATACAATGAT 600  
 40 TAAATTTGAA ATTAAAGATC GTAAAACAGG AAAACAGAG AGCTATACAA AAGAAGATGT 660  
 AACAATGGGC GAACAGAAAA ATGCTATGAG TATTTAGAAT TAGTAAATCA AGAGAATAAA 720  
 AAAGAAGCAC CTAACGCAAC AAAAATGAGA CAAAAGAGC GACAGTTATT AGTAGATTTA 780  
 45 TTTAAAGATG AAGGATTGAC TGAAGAAGAT GTTCTGAACA AGATGAGTAC TAAACTTAT 840  
 ACAAAGCCT TACAAGATAT ATTTGAGAA ATCAATGGTG AAGATGAAGA AGATTCAGAA 900  
 50 ACTGAACCAG AAGAGATGGG AAAGACAGAA GAACAATCTC AATAAAAGAC ATTTTATCGA 960  
 ACATTAAGAA AATACAACGT TTCTGTATGG AGCAGTATGG GTGGACATTA ACTGAAGTCA 1020

	AAGAAAAACA AAGTGAACAA AAAGTCATTA CAGGTACGGA TTAAAGAAAA CTTTTTGGAA	1140
	GCTAGAAAGG AGGTAAATAT GAATGAAAAA GTAGAAGGCA TGACCTTGGA GCTGAAATTA	1200
5	GACCATTAG GTGTCCAAGA AGGCATGAAA GGTTTAAAGC GACAATTAGG TGTTGTAAAT	1260
	AGTGAAATGA AAGCTAATCT GTCAGCATTT GATAAGTCTG AAAAATCAAT GGAAAAATAT	1320
	CAGGCGAGAA TTAAGGGGTT AAATGATAGG CTTAAAGTTC AAAAAAGAT GTATTCTCAA	1380
10	GTAGAAGATG AGCTTAAACA AGTTAACGCT AATTACCAA AAGCTAAATC CAGTGTAATA	1440
	GATGTTGAGA AAGCATATTT AAAGTTAGTA GAAGCCAATA AAAAAGAAAA ATTAGCTCTT	1500
	GATAAATCTA AAGAAGCCTT AAAATCATCG AATACAGAAC TTAATAAAGC TGAAAAATCA	1560
15	TATAAACGTA CAAATCAACG TAAACAAGAT GCGTATCAA AACTTAAACA GTTGAGAGAT	1620
	GCAGAACAAA AGCTTAAAGAA TAGTAACCAA GCTACTACTG CACAATAAA AAGAGCAAGT	1680
20	GACGCATACA GAAGCAGTCC GCTAAGCATA AAGCACTTGT TGAACAATAT AAACAAGAAG	1740
	GCAATCAAGT TCAAAACTA AAAGTGCAA ATGACAATCT TTCAAAATCA AATGATAAAA	1800
	TTGAAAGTTC TTACGCTAAA ACTAATACTA AATTAAAGCA AACAGAAAA GAATTTAATG	1860
25	ATTTAAACAA TACTATTAAG AATCATAGCG CTAATGTCGC AAAAGCTGAA ACAGCTGTTA	1920
	ATAAAGAAAA AGCTGCTTTA AATAATTTGG AGCGTTCAAT AGATAAAGCT TCATCCGAAA	1980
	TGAAGACTTT TAACAAAGAA CAAATGATAG CTCAAAGTCA TTTCGGTAAA CTTGCAAGTC	2040
30	AAGCGGATGT CATGTCAAAG AAATTTAGTT CTATTGGAGA CAAATGACT TCCCTGGGAC	2100
	GTACAATGAC GATGGGCGTA TCTACACCGA TTACTTTAGG TTTAGGTGCA GCATTAAAA	2160
	CGAGTGCAGA CTTTGAAGGG CAAATGTCTC GAGTTGGAGC GATTGCACAA GCAAGCAGTA	2220
35	AAGACTTAAA AAGCATGTCT AATCAAGCGG TTGACTTAGG AGCTAAAACA AGTAAAAGTG	2280
	CTAACGAAGT TGCTAAAGGT ATGGAAGAAT TGGCAGCTTT AGGCTTTAAT GCCAAACAAA	2340
	CAATGGAGGC TATGCCAGGT GTTATCAGCG CAGCAGAGC AAGTGGTGCA GAAATGGCTA	2400
40	CAACTGCAAC TGTAATGGCT TCAGCGATTA ACTCTTTCGG TTAAAAGCA TCTGATGCAA	2460
	ATCATGTTGC TGATTTACTT GCGAGATCAG CAAATGATAG TGCTGCAGAT ATTCAATATA	2520
	TGGGAGATGC ATTAAAATAT GCAGGTACTC CAGCAAAAGC ATTAGGAGTT TCAATAGAGG	2580
45	ACACTTCTGC AGCAATTGAA GTTTTATCTA ACTCAGGTTT AGAGGGGTCT CAAGCAGGTA	2640
	CTGCATTAAG AGCTTCGTTT ATTAGGCTAG CTAATCCAAG TAAAAGTACA GCTAAGGAAA	2700
50	TGAAAAAATT AGGTATTCAT TTGTCTGATG CTAAAGGTGA GTTTGTTGGA ATGGGCGAAT	2760
	TGATTAGACA GTTCCAAGAT AACATGAAAG GCATGACGAG AGAACAAAA TTAGCAACAG	2820

55

	CAGATAAAAT TAATAGCTAT AGCAAATCAT TGAAGAACTC TAATGGTGAA AGTAAAAAAG	2940
	CAGCTGATTT GATGAAAGAT AACCTCAAAG GTGCTCTGGA ACAATTAGGT GGCCTTTTG	3000
5	AATCGTTAGC AATTGAAGTT GGTAAAGATT TAACGCCTAT GATTAGAGCA GGTGCGGAAG	3060
	GATTAACAAA ATTAGTTGAT GGATTTACAC ATCTTCCTGG TTGGGTTAGA AAGGCTTCGG	3120
	TAGGCTTAGC AATTTTGGT GCATCTATTG GTCCTGCTGT TCTTGCTGGT GGCTTATTAA	3180
10	TACGTGCAGT TGGGAGCGCG GCTAAAGGCT ATGCATCATT AAATAGACGC ATTGCTGAAA	3240
	ATACAATTCT TTCTAATACC AATTCAAAAG CAATGAAATC TTTAGGTCTT CAAACATTAT	3300
	TTCTTGGTTC TACAACAGGA AAAACGTCAA AAGGCTTTAA AGGATTAGCC GGAGCTATGT	3360
15	TGTTTAATTT AAAACCTATA AATGTTTTGA AAAATTCTGC AAAGCTAGCA ATTTTACCGT	3420
	TCAAACTTTT GAAAAACGGT TTAGGATTAG CCGCAAAATC CTTATTTGCA GTAAGTGGAG	3480
20	GCGCAAGATT TGCTGGTGTA GCCTTAAAGT TTTTAACAGG ACCTATAGGT GCTACAATAA	3540
	CTGCTATTAC AATTGCATAT AAAGTTTTTA AAACCGCATA TGATCGTGTG GAATGGTTCA	3600
	GAAACGGTAT TAACGGTTTA GGAGAACTA TAAAGTTTTT TGGTGGCAAA ATTATTGGCG	3660
25	GTGCTGTTAG GAAGCTAGGA GAGTTTAAAA ATTATCTTGG AAGTATAGGC AAAAGCTTCA	3720
	AAGAAAAGTT TTCAAAGGAT ATGAAAGATG GTTATAAATC TTTGAGTGAC GATGACCTTC	3780
	TGAAAGTAGG AGTCAACAAG TTAAAGGAT TTATGCAAAC CATGGGCACA GCTTCTAAAA	3840
30	AAGCATCTGA TACTGTAAAA GTGTTGGGGA AAGGTGTTTC AAAAGAAACA GAAAAAGCTT	3900
	TAGAAAAATA CGTACACTAT TCTGAAGAGA ACAACAGAAT CATGGAAAAA GTACGTTTAA	3960
	ACTCGGGTCA AATAACAGAA GACAAAGCAA AAAAATTTT GAAAATTGAA GCGGATTTAT	4020
35	CTAATAACCT TATAGCTGAA ATAGAAAAAA GAAATAAAAA GGAACCTCGAA AAAACTCAAG	4080
	AACTTATTGA TAAGTATAGT GCATTCGATG AACAAGAAAA GCAAAACATT TTAAC TAGAA	4140
	CTAAAGAAAA AAATGACTTG CGAATTAAAA AAGAGCAAGA ACTCAATCAG AAAATCAAAG	4200
40	AATTGAAAGA AAAAGCTTTA AGTGATGGTC AGATTTT CAGA AAATGAAAGA AAAGAAATTG	4260
	AAAAGCTTGA AAATCAAAGA CGTGACATCA CTGTAAAGA ATTGAGTAAG ACTGAAAAAG	4320
45	AGCAAGAGCG TATTTTAGTA AGAATGCAAA GAAACAGAAA TGCTTATTCA ATAGACGAAG	4380
	CGAGCAAAGC AATTAAAGAA GCAGAAAAAG CAAGAAAAGC AAGAAAAAAA GAAGTGGATA	4440
	AGCAGTATGA AGATGATGTC ATTGCTATAA AAAATAACGT CAACCTTTCT AAGTCTGAAA	4500
50	AAGATAAATT GTTAGCTATT GCTGATCAAA GACATAAGGA TGAAGTAAGA AAGGCAAAAT	4560
	CTAAAAAGA TGCTGTAGTA GACGTTGTTA AAAAGCAAAA TAAAGATATT GATAAAGAAA	4620

55

	GTTGGTGGTC	TAAC TTTAGA	GAAGACCAA	AGAAGAAAAG	TGATAAATAC	GCTAAAGAAC	4740
	AAGAAGAAAC	AGCTCGTAGA	AACAGAGAAA	ATATAAGAA	ATGGTTTGGA	AATGCTTGGG	4800
5	ACGGCGTAAA	AACTAAAAC	GGTGAAGCCT	TTAGTAAAAT	GGGCAGAAAT	GCTAATCATT	4860
	TTGGCGGCGA	AATGAAAAA	ATGTGGAGTG	GAATCAAAGG	AATTCCAAGC	AAATTAAGTT	4920
	CAAGTTGGAG	CTCAGCCAAA	AGTTCTGTAG	GATATCACAC	TAAGGCTATA	GCTAATAGTA	4980
10	CTGGTAAATG	GTTTGGA AAA	GCTTGGCAAT	CTGT TAAATC	GA CTACAGGA	AGTATTTACA	5040
	ATCAA ACTAA	GCAAAAGTAT	TCAGATGCCT	CAGATAAAGC	TTGGGCGCAT	TCAAAATCTA	5100
15	TTTGGAGAGG	CACATCAAAA	TGGTTTAGCA	ACGCATATAA	AAGTGCAAAG	GGTTGGCTAA	5160
	TAGATATGGC	TAATAAATCG	CGCTCGAAAT	GGGATAATAT	TTCTAGTACA	GCATGGTCGA	5220
	ATGCAAAATC	CGTTTGGA AAA	GGAACATCGA	AATGGTTTAG	TA ACTCATA C	AAATCTTTAA	5280
20	AAGGTTGGAC	TGGGGATATG	TATTCAAGAG	CCCACGATCG	TTTTGATGCA	ATTTCAAGTT	5340
	CGGCATGGTC	TAACGCTAAA	TCAGTATTTA	ATGGTTTTAG	AAAATGGCTA	TCAAAAACAT	5400
	ATGATTGGAT	TAGAGATATT	GGTAAAGACA	TGGGAAGAGC	TGCGGCTGAT	TTAGGTAAAA	5460
25	ATGTTGCTAA	TAAAGCTATT	GGCGGTTTGA	ATAGCATGAT	TGGCGGTATT	AATAAAATAT	5520
	CTAAAGCCAT	TACTGATAAA	AATCTCATCA	AGCCAATACC	TACATTGTCT	ACTGGTACTT	5580
	TAGCAGGAAA	GGGTGTAGCT	ACCGATAATT	CAGGAGCATT	AACGCAACCG	ACATTTGCTG	5640
30	TATTAAATGA	TAGAGGTTCT	GGAAACGCCC	CAGGTGGTGG	AGTTCAAGAA	ATAATTCACA	5700
	GGGCTGACGG	AACATTCCAT	GCACCCCAAG	GACGAGATGT	GGTTGTTCCA	CTAGGAGTTG	5760
	GAGATAGTGT	AATAAATGCC	AATGACACTC	TGAAGTTACA	GCGGATGGGT	GTTTTGCCAA	5820
35	AATTCCATGG	TGGTACGAAA	AAGAAAAAAT	GGATGGAACA	AGTTACTGAA	AATCTTGGTA	5880
	AAAAAGCAGG	GGA CTTCGGT	TCTAAAGCTA	AAAACACAGC	TCATAATATC	AAAAAAGGTG	5940
	CAGAAGAAAT	GGTTGAAGCG	GCAGGCGATA	AAATCAAAGA	TGGTGCATCT	TGGTTAGGCG	6000
40	ATAAAATCGG	CGATGTGTGG	GATTATGTAC	AACATCCAGG	GAAACTAGTA	AATAAAGTAA	6060
	TGTCAGGTTT	AAATATTAAT	TTTGGAGGCG	GA CTAAACGCT	ACAGTAAAAA	TTGCTAAAGG	6120
45	CGCGTACTCA	TTGCTCAAAA	AGAAATTAGT	AGACAAAGTA	AAATCGTGGT	TTGAAGATTT	6180
	TGGTGGCGGA	GGCGATGGAA	GCTATCTATT	TGACCATCCA	ATTTGGCAAA	GGTTTGGGAG	6240
	TTACACAGGT	GGA CT TAACT	TTAATGGCGG	TCGTCACTAT	GGTATCGACT	TTGGTATGCC	6300
50	TACAGGAACG	AACATTTATG	CTGT TAAAGG	CGGTATAGCT	GATAAAGTAT	GGA CTGATTA	6360
	CGGTGGCGGT	AATTCTATAC	AAATTAAGAC	CGGTGCTAAC	GAATGGA ACT	GGTATATGCA	6420

55

## EP 0 786 519 A2

	ATCAGGTGCT ACAGGTAATT TCGTTAGAGG AGCACACTTA CATTTCCAAT TGATGCAAGG	6540
	GTCGCATCCA GGAATGATA CAGCTAAAGA TCCAGAAAAA TGGTTGAAGT CACTTAAAGG	6600
5	TAGTGGCGTT CGAAGTGGTT CAGGTGTTAA TAAGGCTGCA TCTGCTTGGG CAGGCGATAT	6660
	ACGTCGTGCA GCAAAACGAA TGGGTGTTAA TGTTACTTCG GCTGACGTAG GAAATATCAT	6720
	TAGCTTGATT CAACACGAAT CAGGAGGAAA TGCAGGTATA ACTCAATCTA GTTCGCTTAG	6780
10	AGACATCAAC GTTTTACAGG GCAATCCAGC AAAAGGATTG CTTCAATATA TCCCACAAAC	6840
	ATTTAGACAT TATGCTGTTA GAGGTCACAA CAATATATAT AGTGGTTACG ATCAGTTATT	6900
	AGCGTTCTTT AACAAACAGAT ATTGGCGCTC ACAGTTTAAAC CCAAGAGGTG GTTGGTCTCC	6960
15	AAGTGGTCCA AGAAGATATG CGAATGGTGG TTTGATTACA AAGCATCAAC TTGCTGAAGT	7020
	GGGTGAAGGA GATAAACAGG AGATGGTTAT CCTTTTAACT AGACGTAAAC GAGCAATTCA	7080
20	ATTAAGTGA CAGGTTATGC GCATCATCGG TATGGATGGC AAGCCAAATA ACATCACTGT	7140
	AAATAATGAT ACTTCTACAG TTGAAAAATT GTTGAAACAA ATTGTTATGT TAAGTGATAA	7200
	AGGAAATAAA TTAACAGATG CGTTGATTCA AACTGTTTCT TCTCAGGATA ATAAGTTAGG	7260
25	TTCTAATGAT GCAATTAGAG GTTTAGAAAA AATATTGTCA AAACAAAGTG GGCATAGAGC	7320
	AAATGCAAAT AATTATATGG GAGGTTTGAC TAATTAATGC AATCTTTTGT AAAAATCATA	7380
	GATGGTTACA AGGAAGAAGT AATAACAGAT TTTAATCAGC TTATATTTTT AGATGCAAGG	7440
30	GCTGAAAGTC CAAACACCAA TGATAACAGT GTAACATTA ACGGAGTAGA TGGTATTTTA	7500
	CCGGGCGCAA TTAGTTTTGC GCCTTTTTCA TTAGTATTAA GGTTTGGCTA TGATGGTATA	7560
35	GATGTTATAG ATTTAAATTT ATTTGAGCAT TGGTTTAGAT CTGTGTTTAA TCGCAGACAT	7620
	CCTTATTATG TTATTACTTC TCAAATGCCT GGTGTTAAAT ATGCAGTGAA TACAGCTAAT	7680
	GTTACATCTA ATTTAAAAGA TGGTTCTTCA ACTGAAATTG AAGTAAGTTT AAATGTTTAT	7740
40	AAAGGGTATT CTGAATCAGT TAATTGGACC GATAGCGAGT TCTTATTCGA CTCTAATTGG	7800
	ATGTTTGAAA ATGGAATTCC TCTTGATTTT ACACCTAAAT ATACTCATAC ATCAAATCAA	7860
	TTTACTATTT GGAACGGTTC TACTGATACG ATAAATCCAC GATTCAAGCA CGATTTGAAA	7920
45	ATATTAAATTA ATTTAAATGC GAGTGGAGGA TTTGAACTGG TTAATTATAC AACAGGTGAT	7980
	ATTTTTAAGT ACAACAAAAG TATAGATAAA AACACTGATT TTGTTTTAGA TGGTGTGTAT	8040
	GCATATCGAG ATATAAACAG AGTGGGAATT GATACAAATA GAGGCATTAT AACATTAGCG	8100
50	CCAGGTAAAA ATGAATTTAA GATTaAAGGA GACGTCAGTG ATATTAAAC TACATTTAAG	8160
	TTTCCTTTTA TTTATAGGTA GGTGATTTAA TGGATTATCA TGATCATTTA TCAGTAATGG	8220

55



	ATTATGAACT GAATGAAGCT AGGTACATCA CCTTTACAGT TTATAGAACT ACTCATAATA	8340
	GTTTTGTTTT TGATTTIATTG ATTTGTGAAA ACTTCATAAT TTATCATGGT GAAAAATACA	8400
5	CAATTAAGCA GACAGCGCCA AAGGTTGAAG GTGATAAAGT TTTTATTGAA GTTACGGCAT	8460
	ATCACATAAT GTATGAATTT CAAAATCACT CAGTGGAATC AAATAAGCTT GATGACGACA	8520
	GTAGCGAAAC TGGTAAAACG CCAGAATACT CTTTAGATGA GTACTTAAGA TATGGATTTG	8580
10	CAAATCAAAA AACGTCAGTC AAGATGACCT ATAAAATAAT TGGAGATTTT AAAAGAAAAA	8640
	TACCAATTGA TGAATTAGGT AATAAAAATG GCTTAGAATA TTGTAAAGAA GCAGTAGATT	8700
	TGTTTGGTTG TATTATTTAT CCAAATGATA CGGAGATATG TTTTATTCT CCTGAAACAT	8760
15	TCTATCAAAG AAGCGAAAAA GTAATAAGGT ATCAATATAA TACTGATACT GTGTCTGCTA	8820
	CTGTCAGTAC GTTGGAATTA AGAACAGCTA TAAAAGTTTT TGGGAAAAAG TACACAGCCG	8880
20	AGGAAAAGAA AAATTATAAT CCTATTAGAA CAACTGACAT TAAATATTCA AATGGTTTTA	8940
	TAAAAGAAGG TACTTATCGT ACCGCAACAA TTGGGTCTAA AGCTACTATT AACTTTGATT	9000
	GCAAGTATGG TAATGAAACA GTTAGATTTA CAATAAAaAA GGGCTCTCaA GGTGGAATAT	9060
25	ATAAGTTGAT TTTAGACGGC AAGCaAATTA AGCaAATTC TTGTTTTGCT AAGTCGGTTC	9120
	AGTCTGAmAC AATAGATTTA ATaAAAAATA TTGATAAAGG CAAGCACGTT TTAGAAATGA	9180
	TATTTTTTrGG AGArGrCCCC AAAAATAGAA TTGATATATC TTCAAATAAA AAAGCTAAGC	9240
30	CTTGTATGTA TGTTGGAAC T GAAAAATCAA CAGTCTTAAA TTTAATTGCT GACAACTCAG	9300
	GTCGCAATCA ATACAAAGCA ATTGTTGaCT ACGTCGCAGA TAGTGCAAAG CAGTTTGGA	9360
35	TTCGATATGC TAATACGCAA ACAAATGAAG ATATCGAAAC ACAGGATAAG CTGTTAGAAT	9420
	TTGCAAAAAA GCAAATAAAT GATACTCCTA AGACTGAATT AGATGTTAAT TATATAGGTT	9480
	ATGAAAAAAT AGAGCCAAGA GATAGCGTAT TCTTTGTTCA TGAATTAATG GGATATAACA	9540
40	CTGAATTAAA GGTGTGTTAAA CTTGATAGGT CACATCCATT TGTAACGCA ATAGATGAAG	9600
	TGTCTTTCAG CAATGAAATA AAGGATATGG TACAAATTCA ACAAGCGCTT AACAGACGAG	9660
	TTATTGCACA AGATAATAGA TATAACTATC AAGCAAATCG TATAAATCAT TTATACACTA	9720
45	GTACTTIGAA TTCTCCTTTC GAGACAATGG ATATAGGGAG TGTATTAATA TAATGGCAAC	9780
	AGAAGAAGTT AAAATCAAAG CGCTACTTGA AAACGATAAA C	9821

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 471:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1017 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 471:

5 TTATTGTTTT CCAAATGGTC TTCTCGGTTA TTTAACCATC GGTTCATC CTACGTGCTT 60  
 CACTTTCTAT CtATTAATTC AaTTTCAGCT TGACCACCCG CTGTATAAAG GGTCAAAGTT 120  
 GCTAATCGAT AGCGTCTCAT TATAGGACCA ACATCGATAT CAATATTTTG AATACGAAAA 180  
 10 TATGGTATTA CCTTTTCATC CAAAAATAAA ATGCCGTTTC GTACACGCAA ATGGTGTTTT 240  
 TCAAATGCAT ATCTGCAGTG CTTATATCGA TAGACTGGCG CTATAACAAG CGTGAAAACA 300  
 GCAACAAGTA ATATTATAAT CACACTACTA ACAATGGATA AATGGTTATC TAAAATCTCC 360  
 15 CAAAATAGCC AGTTCAAAAT ATTAAATGCG ATTAAAAGTA CAAGCGCTAT GGGTATCCAA 420  
 AACAGCACAG CACTTAACCT CATCACTTTT TTAGCGTGTG GTGACATAAA ATTATAATCC 480  
 CTCATCATTT TCACCTCTTA AATACCATGA TTTCAATTTA TTTGCATCTT CACTTCTTGC 540  
 20 GTATTTTAAG TTAATCGATT GGGCTCCAC ACCTTTAGCA ACAATAAAGC TAAAATTATT 600  
 TAAATTGTTG CGTTTAAGTA ATGTATGTTG CCAAGTGTCA AATCCTATAA TGTGATGCGC 660  
 TTTAAAATAA TAAATATTTT GTTCAATAG CTCGAAATTC TGGATAGTAA TTTGTTCTTC 720  
 25 TGTCATTTTA AAACCCGCAT GTTTGACATA AAGATATCCT TTGATCACAA ATAAACCAAT 780  
 AATGACTATT GTTATAATCG TAAATAACAA TAATAATTGA TTCCAAAAT AACAGCCTAT 840  
 30 ACCTGCCATA GCTATGACAA TAATACTAGG TATTAAAAAG TGTCTGTGGA AACCTGACAA 900  
 AGGCATACCT TCATTAACCT GTTGATAAGA TAAATCTGGT ACTAAATTCT GGATAATTTG 960  
 ATATGCTTTG TCTCGTTTAA TAAACGGCaA TATCGGCACA CTACCTGAAT CATTGTC 1017

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 472:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 6806 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 40 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 472:

45 TAGGATTGAT TAATCCTTTC TTCAAAATGA TGAATGTGTA ATGTTAAATA TATAATTTCA 60  
 GACTCACTGA TATTAACATC AAATTGTTTT TGTATCATAG TTAAAATTTT ATATGCTGTG 120  
 50 TTATAGCAAA TCGGATAGTG ATTTTAAATC ATAGACACAA AATCATCTTG TGCATGTATA 180  
 TATTCTTTTC TTCTTAATCG GCGAATTAAA AATTGTACGT GCCTTATAAA ACGTTGGTAT 240

55

	TTAATAACAT TATTnGATCA AGGTCATCTC ATGCATAGAT AAATCTTCTG TATTaGATGC	360
	AATATGTAAT GCAATAAATC CTATCTCATC TTCAGGaAAA TGTaCATCTA ATGCTGCATT	420
5	TAACTGATCA ATCACCTGTT TAGCAATATG ATATGCATCA CTATATAACT GCATAGTTTC	480
	CATAACAAAT GGATTGCTAA TAACTTGATT TTGTTTTAAG CGTTTATAAG CAAATATAAT	540
	ATGATCCGTT AATGAAACTA CAAGTTGTTT TGAATCAACA TTCATCGCAG TATTAGAAAT	600
10	AAAATTCAAC GAATCAATAA TTACTIONGTAA TACATTATCA TCAGCGATTT CAACTAAACT	660
	TTTATAATGT GCTTTTTGTT GCTCACTTTC TAATTTATAA ATTTTCTCTA TTGTAATAGT	720
	TTGGTCGTTT AACGCCATTC CCTCTTTTTT GTTAAACCA ATACCTTTAC CGATTAAAAT	780
15	AACTTCTTGA TCATTATTAG TACATACTAC GACATTGTTG TTCAATGTTT TAGTAACAAT	840
	ATATTCTCCC ATTATCATCA CCTATTTTTC TATTATTAAG ATTATATATC GGAAATGTCT	900
20	AACTTGAAAG TATAATAATT TAAATACTTG TGTTCTATTA CACGCCTATC CTATATGATA	960
	TATCTTAATT TAATTTGAT GTCTCTCAAA GTGGAATAAC TATAATAAAA AAATCTGACT	1020
	CCCATATTTA CAAATAATTC TATTTATTTA TATATTATCT GAATTAATAC TCAATACAAA	1080
25	CTAAAACGTA CTATTAAATT GTGCAAAGCT AAAACAAATT TATATTCATC TATCCAACAA	1140
	TATGTCTTAT CAATGGTATA GTCTTTGCAC ACCAATGGAG GAAATAAATC TCAACCTTAC	1200
	TATATTAATA TATAATCAAA TCTTAGATTA ACTAGTGTA TGATACAGAT GATAATTGAG	1260
30	TACAAATTTA AAACCCTGAG ATTTTCGCTT TAATTTGAAA ACCTCAGGGT TTATTTGATT	1320
	TTTATATAAT GAATCGTTAC ATTAAAAATA TTTATTTATC AGAGTTCTTA TATTTGTTAG	1380
	CGCCCCAAGC ACTAATTCCA AATAAGTTAA TTTCTAAGTT TTCAGGTTTA AAGACAGGGT	1440
35	TCTTGCCTTC TTTTTTCTGC TTTTGATAAT CTTTCATCAA TGCAAAAGCT ACATTGGACA	1500
	GTCCTATAAT GGAAATAATG TTTACAATTG CCATTAAGCC CATAAATAAG TCTGCCGTAT	1560
40	TCCATACTGT TTCTGTTTTT ACAACTGCAC CGACAAAGAC AAGTACTACA ACAAGACATC	1620
	TAAAGATAAA TAATATTACA CGGTTTGTTG ATAAAAATTC AATATTAGAT TGACCGTAAT	1680
	AGTAATTACC TACAACAGAT GAAAATGCAA ACAGTGTAAC tGCTaTTGTT AAGAAAATAC	1740
45	CTCCAGCAGA ACCTAAATGC TCATTAAGTG CTGATTGAGT AACTGCAACA CCTTGAGGTG	1800
	CGTTATCACC AAATTTGAGT CCTGAATATA GTAAAATCAT GATTGCAGTT GCTGTACAAA	1860
	CCAACATTGT ATCAAAGAAC ACACCTAATG ATTGGATTAA ACCTTGCTTA ACAGGGTGTG	1920
50	GTACGGCAGC AGTTGCCGCT GCATTCGGCG CAGAACCCAT ACCAGCTTCG TTAGAGAATA	1980
	AACCACGTTT GATACCTTGA AGAACCGCAG CACCTACAGC GCCACCAGTT ACTTGTTCTGA	2040

55

	GCAATATTAC TAAAACCATA CCAATGTAAA TGATAGCCAT AATCGGTACA ATTAACGAAG	2160
	ATAACGTAGC AATACTACGT ACACCACCAA ATATAATAAT AGCTGTTACG ATTGCTAAAA	2220
5	TAATACCTGT GATTACTGGA CTAATATTAT ATTGCGTATT TAACGACTCC GCAATTGTAT	2280
	TAGATTGCAC TGTGTTAAAT ACAAATGCAA ATGTAATTGT AATTAAAATC GCAAATACGA	2340
	TACCTAGCCA TTTTGTGATTT AAACCTTTAG TAATATAGTA AGCTGGACCA CCACGGAATC	2400
10	CACCATCTTT ATCATGTACT TTATAAACCT GAGCCAAAGT CGCTTCTATA AATGCACTCG	2460
	CTGCACCTAT AAATGCAATA ACCCACATCC AAAATACTGC ACCTGGACCG CCTAAAACAA	2520
	TCGCAGTCGC AACACCAGCA ATATTACCAG TACCAACTCT CGAACCAGCA CTAATCGCAA	2580
15	ATGCTTGGAA TGGCGAAATA CCCTTCTTAC CATCTTCTAA AGTTTCTGGA CGTTCTACTA	2640
	AAGCTCTAAA CATTTCAGGT AACATTCGTA ATTGAACGAA TTTAGAACTA ATCGTAAAGA	2700
	AGAATCCAGC TGTCAATAAT AGACCAATTA AATATTGAGA CCATATTAAA TCGGTACCAA	2760
20	CATGGACAAA TTCTTTAAAC CATCCAGGTA TTAAACTATC GAAATCTTTC AAAATAAACC	2820
	CCTCGCATCC TCTACATGAA TCATGTACCT TCTATAAAAT TAGACCGAAT TGAACCTTCA	2880
25	GTAAATATAG AGATACATCA TCATTTCTTA TACAATACAA GAGATTTATA TTAGTTTGGT	2940
	CAAAGTATAT CGCTAATTTA ACGATAAGTA CTTGGTCAGC ATTTAATATA AATCCCTTGA	3000
	ATTTAGTCAA AATTTAACAT TACTGTATTT TATCATTTAA TTTCGTGATT GCATATAGTT	3060
30	TTTAGCTAAT ATACATGTCT ATTACTTCAC CAAAATCATC TGTATCTACA ATGAATGAGC	3120
	CATTTGTATA TTGTTTCAGAT TTATGAATAT CATTAAATTAA ACCAIGTTCT TCATTTGATT	3180
	TTGAATATAA TGTATATTGA CTATGTTTAC CTGTCACTAC ATGTGCAGCT ACAATACGAT	3240
35	GTGGATTTTT CTTTAATTCT TTTAATAAAG TTATTCCaCG TTGTGCTCTT TTAGCAACTT	3300
	GTAAGATTTT AAAACTAATA CGTTTTAACG AGCCGCGTTG TGTGGCCATC AATATAGTAT	3360
	CATTTTCAGA AACACCTTCT GTCATAACAA CGAAATCTTC AGCTTTAAGA TTTATTGATT	3420
40	TAACACCAGC TGCCCTTAAT CCGGTATCTG ATAGTTCACT TGTATTATAC GTTAATGACA	3480
	TACCTTTATT AGTAATGACG GTAATTAATT GATCTTTTTT AAAGCGCATA AACTAATCA	3540
45	AATCATCATT TTCTTTAACT TTAGTAGCAA TTAAAGGTTT ATTAAAACGC GTTGTTTTAA	3600
	ATAGAGGCAC TGTACTTTTC TTAATCATGC CATTTTGAGT CGCAAAAACA TAAATGCAT	3660
	CTGTATTAAA GTCCTTTTCA TTAAAGACAT TAATAACCAC TTCATCTTCT TCGATAGGAA	3720
50	CTATTTGTGA TACATGTTGT CCCAATTCTT TCCAACGAAT ATCTGCTAAT TTATGAACCG	3780
	GTATAAATAG ATAACGACCT TTATTTGTAA ATACTAGTAC GGTATCTTGC GTATTTACTT	3840

55

	TAAAGCTACG AATAGAAGTA CGTTTAATAT ATCCATGACG TGTCATACTT AAAATAACTy	3960
	CTTCACTAGG CACCATAACT TCTTTGTCAA TTTTAATTTC TTCAATTTCT GCTTCAATTa	4020
5	AAGACAGTCG TTCAGATTTG AATTTCTTTT TAATTTTCATT CAATTCTTCT TTTATGACAT	4080
	TCAATAATGC ATCATGGTTA TCAAGAATAT GACGTAATTG TTTGATTAAT GCTTCAAGTT	4140
	CTTTATGTTC ACCTTCAAGC GCAACTATGT CAGTATTTGT TAAACGATAT AACTGTAACA	4200
10	TTACAATTGC TTCAGCCTGT TCTTCTGTGA ACTCGTATAC TTCGATAAGG TTTTCTTTAG	4260
	CGTCACGCTT GTTTTtagag CWACGAATCA ATTCGATTAC TTTATCTAAA ATTGACAACG	4320
	CTTTAATCAA ACCTTCAACG ATATGCATAC GTTTTTCTGC ATTATCTAAT TCAAACCTCG	4380
15	TTCTATTTGC AACAACTCA ATTTGGTGAT TCAAATAACT ATCTATAATT TGACGAATAC	4440
	CCATCAATTT TGGACGACCA TCACTAATAG CGACCATGTT GAAATTATAT GAAATCTGTA	4500
20	AATCAGAGTT TTTATAAAGA TAATTTTTGA TTGATTCACT GTTCACATCT TTTTCAATT	4560
	CAATTGCTAT TCGTAAACCA GTTCTATCAG TTTCATCAGC TACTTCAACG ATACCATCGA	4620
	CTTTTTTGTC AGCACGTAAT TCATCGATAC GTTTTACTAA GCTACTTTTG TTCACTTCAT	4680
25	ATGGAATTTT AGTAATAATT AACTGTTTAC GTCCATTGCG TAAAGTTTCT TCTTCAACTT	4740
	TAGAACGAAC TATAATTCTA CCTTTACCTG ATTCATAAGC TTTTTTAATA CCATCAATAC	4800
	CTTGAATAAT ACCACCAGTT GGAAAATCAG GACCTTTAAT ATATTTTCATT AATTGATTGA	4860
30	CTGTAATATC CGGATTATCA ATATATTTAA GTGTTGCTTG AATCACTTCA GCTAAATTAT	4920
	GTGGTGGTAT ATCTGTCGCG TAACCTGCAG ATATACCTGT AGAACCATTc ACTAGTAAGT	4980
	TAGGAAATCT TGATGGCAAT ACCATTGGTT CGAGTGTCGT ATCATCATAG TTTGGAATGA	5040
35	AAGAACTGT CTCTTTATTA ATATCACGTA ATAACCTCTC AGCTAGTAAG CTTAACTTAG	5100
	CTTCAGTGTA ACGCATTGCC GCTGGCGGAT CATTATCGAT ACTACCATTa TTACCATGCA	5160
	TTTCTATTAA GACATGTCGT AACTTCCAGT CTTGACTTAA ACGGACCATT GCTTCGTACA	5220
40	CTGAGGAGTC TCCATGTGGA TGATATTGAC CAATAACATC ACCGACTGTT TTCGCACTTT	5280
	TACGGAAATT TTTATCGTGT GTATTACCAC TTGAATACAT TGCATATAAA ATACGACGTT	5340
45	GTACTGGTTT TAAACCATCA CGAACATCTG GCAATGCACG CTCTTGAATA ATATATTTAC	5400
	TATATCTTCC AAAGCGATCA CCTAAAACAT CTTCAAGTGA TAAATCTTGA ATTATTTCAC	5460
	TCACTAGATT TCCTCCTCAT CAAATTGATC ATTTTCAAGC ACTTGTACTT CAGAATTATC	5520
50	TAAAATACTT TGGTCCTCTT GCATACCAAA CTCAACATGC TTTTCAATCC ATTCACGTCT	5580
	AGGTTGTACT TTGTCACCCA TTAATGTTGT TACACGTTTA GATGAACGCA CTTCATCTTC	5640

55



AGGGTTCATT TCACCCAAAC CTTTGTAACG TTGTAACGTG AaGCCTTTAC CAAGTTCTTT 5760  
 TTGCAATTTA TTAAGCTCTT CGTCTGTCCA AGCGTATTCA ACTCGCTTTG TTTTGCCTTT 5820  
 5 ACCTTTTTC C AATTTATAAA GTGGAGGTAA AGCAATAAAT ACACGACCTG CTTGAACAAG 5880  
 CGGTTTCATA TATTTGAAGA AGAATGTTAA CAATAGCACT TGAATATGCG CACCATCAGT 5940  
 ATCAGCATCA GTCATAATAA TTACACGATT ATAATTACTA TCTTCAATTT TAAAGTCAGT 6000  
 10 ACCAACGCCT GCCCCGATTG TGTGGATAAT TGTATTAAAT TCTTCATTTT TAAAAATATC 6060  
 TTCTAGACGT GCTTTCTCTG TATTAATTAC CTTACCACGT AATGGTAATA TCGCTTGGAA 6120  
 TTTGCGGTCT CGTcCAAGTT TTGCTGAACC TCCCGCAGAA TCACCTTCGA CTAAATACAA 6180  
 15 TTCATTTTTT TCAGTGTTTT TACTTTGTGC AGGTGTTAAT TTACCAGATA GCAAAGTGTC 6240  
 TTTACGCTTG TTTTTCTTAC CTGAACGAGC ATCTTCACGA GCTTTACGTG CAGCTTCCCT 6300  
 TGCTTGTTGT GCTTTAATCG CTTTTTTCAC AAGTGATTTA GACAATTGTC CTTTTTCTTC 6360  
 20 TAAATAGAAT GGCAATTTGT CTGCAACAAC TGAATCAACA GCACTTCTAG CTTCAGAAGT 6420  
 ACCCAATTTA GATTTCGTTT GTCCTTCAAA TTGCAATAAT TCTTCTGGAA TACGAACAGA 6480  
 CACAACAGCT GTTAAACCTT CACGAATATC ATTACCATCT AAGTTTTTAT CTTTTGTTTT 6540  
 25 AAGTTCATTA ATACGACGTG CATAATCATT AAATACACGT GTCATTGCTG TTTTAAAACC 6600  
 AACTTCATGT GTACCACCAT CTTTAGTACG TACATTATTT ACAAACTTA AAATACTTTC 6660  
 30 TGAATATTGA TCATTATATT GGAAAGCTAC GTCTACCTCT ATACCATTG CTTACCTGA 6720  
 AAATGTAGCC ACGTCATGCA AACTTCTTT TCCTTCATTG ACATAACTAA CAACTCTTT 6780  
 GATTCCTTCT TATAATGGTA TGTCTT 6806

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 473:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1716 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 473:

GGGGCAaAAA TTCCAATACA CTCATTACCA AATATATACA CCACTTCCTG CTACAAGTnn 60  
 TTTTACTTGA TCTTGGTCTT TTCCGCAGAA AGAGCATTTT CAAATTTTCT TCATCTTCCA 120  
 50 TTGAATTTAA ACATTCTTTT TACACCCCTA TTCGTAAAG ACTATACTAG ATTGGATGTT 180  
 ACAATGCAAC ATATTAACAT ACAAACTTTT TGCTTAAAGA ATAGTAGCAG ATACATAAGC 240

CCTCAACGA ACTTTGCGTT ATCTCTTAAT AAATCGATAA CTTTTTGGAT ACGAACATCA 360  
 TTTTAAATGA TATCAGTATT ACCTAAAGTA TTTTGATAT CTTCAACTGA GATATTAAAT 420  
 5 TGTTTACTCA TTTTTTCTAA TTCTTTATCG ATATCTTCAT CAGTAGCTTC GATTTTTTCA 480  
 GCTTCAGCGA TCGCAGTTAA AGTTAAGTTA GTTTTAACAC GTTGTTCTGC ATCGTCTTTC 540  
 ATTTGCTCTC TTAATTGAGT TTCATCTTGA CCTGAGATTT GGAAGTACGT TTGTAAATCT 600  
 10 AAACCTTGTT GTTGAATCTT TTGTGCAAAT TCAGACACCA TACGATCTAA TTCAGTATTA 660  
 ACCATTGCTT CAGGAATATC GATTGTTGTA TTATCAGTAG CTTTTGTAAT CGCTTCTTCT 720  
 TTTTCAACAT TTTCAGCATC TGTAGCTTTT TGTTTCAGCTA AACGTTTACG TAAGTTTTCT 780  
 15 TTGTAATCGT CTACTGTATT TGCTTCTGCA TCTAATTCAT TAGCAATTC ATCTGTTAAT 840  
 TCTGGGACTT CTTTAAATTT AATTCGTTA ACTTTTGTTT TGAAAGTTGC TTCTTTACCG 900  
 GCTAATTCTT CAGCATGGTA TTCTTCTGGG AATGTTACGA CAACATCTTT TTCTTCGTCA 960  
 20 ACTTTCATAC CTTCTAATTG CTCTTCGAAA CCAGGTATGA ATGAACCTGA ACCGATTCT 1020  
 AAATCGTAAC CTTTCAGCTG TCCACCTTCG AATTCTTCTC CGTCAACTGA ACCACTAAAG 1080  
 25 TCGATGTAA CTGTGTCGCC ATTTTCAACA ACACCATCTT CTTTAACGAC CATTTTCAGCT 1140  
 AAATGTCCTA AGCTGTGGTC AATCGCTTCT TGTAACATCAT CATCAGATAA TTCAGTTTCT 1200  
 TGTTTTTCAA TTTCAAGACC TTTATAGTCT CCTAATTTAA CTTCTGGCTC AACTGTAACT 1260  
 30 GTTGCTTCAA AAATGAAATC TTTACCTTTT TCAATTTGAG TAACACTTAC TTCtGGTTGT 1320  
 GCAACTGGTT TAATATCAGT TTCGTCAATT GCTTCACCAT AAGCATCTGG TAATAAAATG 1380  
 TCGATAGCAT CTTGATATAA TGCTTCTACA CCAAGCGTT GTTCAAAAAT TGGACGTGGC 1440  
 35 ACTTTACCTT TACGGAATCC AGGTACGTTA ATTTGTTTAA CCACTTTTTT GAATGCTTGA 1500  
 TCTAACGCTT TGTTTACTTT TTCTGCAGGA ACAGTAACAG TTAATAAACC TTCGTTACCT 1560  
 TCCTTTTTTT CCCAAGTTGC TGTCATGTAT ATATACCTCC ATGATTAAT AATTTATTTT 1620  
 40 TTCAACTTCC CTATTATATC ATACGTCTAT TCCCTATACA AACATTGAAA TCACAACGTT 1680  
 TATATATTTG TAAATCAACT TTTTTCGTCA AAATA 1716

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 474:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 795 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

TGACCAAGTA CGTTTCGAAG TTGCCATTAA AGCATTAAAC CCATCATTGA AAGCATTTCGC 60  
 ACCTGTACGT GAGTGGGCAT GGAGTCGTGA AGAAGAAATC GATTATGCAA TTAAACATAA 120  
 5 TATCCCTGTA TCAATCAACC ATGATTCACC TTATTCTATC GATCAAAATC TATGGGGCAG 180  
 AGCGAATGAA TGTGGTATTT TAGAAGATCC TTATGCTGCG CCACCAGAGG ATGCGTTCGA 240  
 TCTAACAAAT GCTTTAGAAG AAACACCAGA TACTGCTGAT GAAATCATT TTAACGTTTGA 300  
 10 TAAAGGCATC CCAGTTCAAA TTGATGGCAA AACATATGAA TTAGACGATT TAATTTTAAC 360  
 GTTGAATGCA TTAGCTGGTA AGCATGGTAT CGGAAGAATT GACCATGTAG AAAATAGACT 420  
 TGTAGGTATC AAATCAAGAG AAATTTATGA GGCACCTGCT GCAGAAGTTA TTTTAAAAGC 480  
 15 GCATAAAGCA TTAGAAACGA TTACGTTAAC GAAAGATGTC GCACACTTTA AACCAATCAT 540  
 TGAGAAGCAA TTGCTGAAC AACTATACAA TGGACTTTGG TTCTCACCTT TAACTGATAG 600  
 CTTGAAATTA TTTATTGATA GTACTCAGCA ATACGTAAGT GGTGATGTCA GAATTAAATT 660  
 20 ATTCAAAGGT AATGCCATCG TGAATGGTAG AAAATCACCT TACACATTAT ATGATGAAAA 720  
 ATTAGCAACT TATACAAAAG AAGATGCATT TATCAAGAC GCTGCTGTTG GCTTTATCGA 780  
 25 TATCTATGGT TTACC 795

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 475:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 887 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 475:

CGATTGAAAG AAGACGGTTC AGTTGAAAAG TTTCCAAAGC CAGTAATTAG CCAACAACCA 60  
 GAAGGATATA CGAGTCATTT TAGAGATCCT AAAGTTTTTA AATATGATG GAAATATTAT 120  
 40 GCAATCaTTG GTGCaAAA TAATGATCaG CaAGGTCGAT TATTACTTTA TAATACTGAA 180  
 GATATAATTA ATTGGCATT TTTAGGTGAA ATAAATACAG AGTTGGATGA TTTTGGATAT 240  
 ATGTGGGAAT GCCCAGATTA CTTTAATGTA GATAATCAAG ATGTCATACT TATTTGTCCA 300  
 45 CAAGGTATTG AACCAAAAGG CGATCAGTTC AAAAATATTT ATCAAAGTGG TTATATACTT 360  
 GGAAAGTTTG ATATTGAAAA GTTAACATAT GAACATGAAA ATTTTGTCGA GCTTGATAAT 420  
 50 GGTTTTGATT TCTATGCACC TCAAACATTT TTAGATGAAA AAGGCCGACG AGTACTAATT 480  
 GGATGGATGG GGTACCGGA AATCGAATAT CCTACTGATA ATGAAGGATG GGCCCATTCG 540

55

GCGTTGGAAA AATTACGTCA CAATAAAGAG ACAGCATTtA GGctACGCAA ATAAATTTAC 660  
 TCGAAAATTA CATCCGTATG AAGGTAAACA GTATGAATTA ATCATAGATA TTTTGGATAA 720  
 5 TGATGCTACC GAAGTGTACT TTGAATTACG TACATCTAAG ACTTCTTCAA CATTAAATTGC 780  
 TTATAACAAG CGTGAAAATA AAATAACATT AGATCGCAGC GACAGTGGTT TATTGCCGAC 840  
 AAATGTTGAA gGTACGACGC GTAGTACGAT ATTAGACACG CCATTAA 887

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 476:

(1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1183 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 15 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 476:

TTGGAAnCAA AAAACCATTG GTAAACCGTG TtnAACCGGA TTTCCGATGG ACCTTTTAAA 60  
 ACnACCAAAT AGAAAGCTTT GATAAAAGGT AATTATGGTA CTGATAACAA ACAAGTTCAA 120  
 25 AAACATCATG ATTTAGTACG TATGCTTTTG ATGGATCAAG ATGGTTTTTT AACTGAAAAT 180  
 AATAAAGTTG ATCATTTCAT TGATGGAAAT GATTTATATG ATCAAGTTTT AAAAGATATT 240  
 AAAAAATGCAA AAGATATATC CATTAGAGT ACwATACTTT CGCTTwAGAT GGTTwAGGTA 300  
 30 AAAGAATTTT ACATGCTTTA GAAGAAAAT TGAAACAAGG TCTAGAAGTA AAAATATTAT 360  
 ATGATGATGT TGGATCTAAA AATGTTAAGA TGGCAAATTT TGATCATTTT AAATCGTTAG 420  
 GTGGAGAAGT TGAAGCATTT TTTGCTTCAA AATTACCGTT ATTGAATTC AGAATGAATA 480  
 35 ATAGAAATCA TAGAAAATC ATCGTAATCG ATGGTCAACT AGGTTATGTC GGAGGATTTA 540  
 ACATTGGTGA TGAATATCTm GGATTAGGAA AATTAGGATA TTGGAGAGAT ACGCATTTAC 600  
 GTATACAAGG GGATGCGGTT GATGCACTGC AGTTGCGATT TATTTTAGAC TGAATTCGC 660  
 40 AAGCGCACCG TCCACAATTT GAATATGATG TTAAGTATTT CCCTAAAAAG AACGGACCAT 720  
 TGGGCAATTC ACCAATTCAA ATAGCTGCAA GTGGCCCGGC TAGTGA CTGG CATCAAATTG 780  
 AATACGGTTA TACAAAATG ATTATGAGTG CAAAGAAATC TGTATATTTA CAATCACCAT 840  
 45 ATTTCAATTCC GGATAATTCA TATATaAATG CCATTAAAAT TGCTGCTAAA TCAGGTGTAG 900  
 ATGTACATTT AATGATTCCA TGTAAGCCAG ATCATCCATT AGTATATTGG GCGACATTTT 960  
 50 CAAATGCCTC TGA CTTATTA TCAAGTGGTG TTAAAATTTA TACGTATGAA AATGGATTTA 1020  
 TACATTCTAA AATGTGCTTA ATTGATGATG AAATCGTATC AGTGGGCACA GCAAATATGG 1080

CTAAAGATTT AAGGGTGGCT TATGAACATG ATATTACAAA ATC

1183

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 477:

- 5 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 2332 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

10

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 477:

15	GGTTATATGT TTGGTATTAC TCATTATATT GATTGGAGGT TGTGTCATTA TGACAAAAAC	60
	AAATGGTCGA AACGCTCAAA TTAAAGAAAA TTTCAACAAA ACATTAAGTG TATATCTAAC	120
	CAAGAATCTC GATGATTTTT ACGATAAGGA AGGTTTTCGA GATCAAGAAT TTGATAAAAG	180
20	AGATAAAGGG ACTTGGATTA TTTATTCTGA AATGGTTATC GAACCAAAAG GGAATAATAT	240
	GGAATCGAGA GGAATGGTGC TCTATATCAa TCGCAATACT AGAACmACGA AGGGTAATTT	300
	TATTGTCACC GAAATAACTG AAGATAGTAA AGGATATTCA CGTAGTAAAG AAAAAAATA	360
25	TCCTGTCAAG ATGGAAAATA ATCGAATTAT TCCAACAAAG CCTATACCGG ATGACAAGTT	420
	AAAAAAAGAG ATTGAAAAC TTAAGTTCTT TGTACAATAT GGAAATTTTA AAGATTTTAA	480
	AGATTATAAA AATGGTGATA TTTCATATAA TCCTAATGTG CCAAGTTATT CTGCAAAGTA	540
30	TCAATTGAAT AATGATGACT ATAATGTTCA ACAGTTAAGA AAACGATATC ATATTCCAAC	600
	CAAACAAGCG CCCGAATTAA AATTGAAAGG ATCCGGCAAT TTAAAAGGCT CATCCGTAGG	660
	ATCTAAGGAT CTAGAATTTA CGTTTGTAGA AAATCAAGAA GAGAATATCT ATTTTTCAGA	720
35	TTCGGTCGAA TTTACACCTA GCGAGGATGA TAAATCATGA GTCAAACGGA ATATCAAATA	780
	AAATCTGGCA ATATAAAAGG TAACTCTGAA GAAACAAGTA CAGTATCTAA TATAAGTTAT	840
	GAAATAGAAA ACGCAAATAA CAGTGGTTTA AAACAAAATA AAATTGATAA ACAAATTAAA	900
40	AAGTTACAAG AAAAAAATAA ATTCCCTAAA AATCTTTCAT ATCTTAAAAG TTATACGGAC	960
	CCCAAAACAG GCACGACTAC AAGCGCCTTT TTAAATAAAG ACACTGGCAA AGTTACTTTA	1020
45	GGTATGACAG GTACTAATGT ACACAAAGAC GCAATATTAA AACAAACATT TGGTGTTCCT	1080
	TCTTATCAAG GATATATAGA CGTGAGTGAA ACgCTaAAAG ATATTGGGGC CGATGTCAAT	1140
	ATTGGCCTTC ATTCCGTCAC AGATAAAGAT CCACATTATA AAAATACCCA AGACTTTATC	1200
50	AAAAATATCA AAAAAGACTA TGATATTGAT ATTATTACCG GACATTCGCT GGGCGGTAGA	1260
	GATGCGATGA TTTTAGGTAT GAGTAATGAT ATTAAACATA TCGTTGTGTA TAATCCAGCT	1320

55



ATTGAAAAGT ACGATGGTCA CATTGTAAGA TTTGTGTCTG ATGAAGACGA ATTAGATGCA 1440  
GGTGTCCGCA ATCATTATA TGAAACTGCT GGAGAAAAA TAGTACTTAA AAATGGAGAA 1500  
5 GGCCATGCAA TGAGTGGTAT TTTAATGAGC AGAACACAGG CTATAATCTT AGCTGAATTA 1560  
AACAAAGTTA AAGGCTACCA AGACGAAAAT AATAAAGCAT TAAAATCCGT TCGTAAACAA 1620  
ACGAGGCATA GATTACATAA AGTAGAGACG TTAAGAGCGA ATTGGATTCA AACACGGGT 1680  
10 GGATCACTCT CTTCTCCCw ACAACAATTA TTAGAAGCTT TAACAGCACT AACCATTGCC 1740  
GAAGGCTTAA ATCAATTAGT GAATGAAGAA AGCCAACATT TGAAAAAATG TATCACGCGA 1800  
TGGCACATAA ATTTGGAGAC AACTGGAAAA AAGCGCAAGA AGTTGGAAAT GAAATTGGTG 1860  
15 AAAAAATTAAC CTCTGAAGAG GTTATAGATG rATTAAGAAA AGGTGGCGCG TATGAAAGTa 1920  
AACTTGAAAC AGATCCCAA AGAAAAATTG ATGATAAGAT AAAGAAATTA AATGATGTTT 1980  
ATAAAAATTG TAATGGCTAT ATCGCAAAAA TTAAACAGAG TATCGAAGCA ATTGTTTCTA 2040  
20 ATGACCAAAT GTTAGCGAGC CAGATTGATG GGATGATGTA ATGTTTACTA CGTATAAnAA 2100  
TATTAATGAA CTTGAAAATG CCTATGATGA AGAAAGAAAA CAATTGAATG ATGCATTCAA 2160  
TCAAATTGAT GAATTAAGAC ATCAAACACG CAAGAmATGT GAACAAATGT ATGATCATTT 2220  
25 CTTATATCTC AACATAAAA TGAATTmymS TGAAGACGCT ATGATCAGGA TGACACGTAT 2280  
TATAGAATCT TTCGATAGAG AAACGAATCA ACGTATCCGA CATCACGAAA TG 2332

30 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 478:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 865 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 478:

40 TTTACTACCC AGTATCTCTT TTTATAAATT ATATAGCCAC CACATATGGT GGAAAGTCTT 60  
TTTAATTAGA ATTTTGTTTT TTCAGTTAAG AAAGCTTCTA ACTCTGAGAT TGGCATACGA 120  
ACTTGTTCCA TTGAATCTCT GTCACGTA CTGTAAGTAT TATCTTCTAA TGAATCAAAG 180  
45 TCGAATGTtA CACAATAAGG TGTaCCGATT TCATCTTGAC GACGGTATCT TTTACCGATA 240  
GATTGTGATT CATCGAAATC GATTGAGAAT TTAGAACTTA ATTGCTCAAA AATCTTAATC 300  
50 GtTCGCCAGA TAATTTCTTA CTTAAAGGTA AAATCGCTGC TTTATATGGT GCTAATGCAG 360  
GATGGAAGTG TAAAACTGTA CGTGCACTCT TACTACCTTC AACGCCTTCT TCATCATATG 420

55

GAATATATTT TTCGTTTCGTT TCTGGATCAT GGTATCTGAA ATCTTCACCA GAGTGTTCAG 540  
 CATGTTTACG TAAGTCGAAG TCTGTACGAC TTGCGATACC CCATAACTCA CCCCACCAA 600  
 5 ATGGGAATTT ATATTCAATA TCAGTTGTTG CATTGAGTA ATGAGATAAT TCATCTTCAT 660  
 CATGATCACG TAAACGCATA TTTTCACTGC TCATATTTAA GCTTGTTAAC CAGTCACTTG 720  
 CAAAAGTTTT CCAATAATTT TGCCATTCGA TTTCTTCTCC AGGTTTACAG AAGAATTCAA 780  
 10 GTTCCATTG TTCAAATTCT CTTGTTCTGa AAATGaAGTT ACCTGGAGTG aTTTCaTTAC 840  
 GGaATGaTTT ACCAATTGg ACCGG 865

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 479:

15 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1444 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 20 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 479:

25 TAATGAGTAA ATAAGTACCA GATAAAATCA TGAATATCAT CCAACATGCG GTTAACTCTA 60  
 CTAAATAATT AATAATAGTA TTTTCAGTAA ACAAAGAACT ATGTATACTT CGCATCACAT 120  
 TAGAATACGT ATGTTTCGCA TTTTGATCTG CAACAAATTG ATTGTTATGA TCTAGAAAGA 180  
 30 CGTAACGTTG ATTTCTGCGC ATATCACTCA GTGTAATTCG TTTGTTATAT GGTTTCATCAA 240  
 GTATGCTAAC TTTACTTACA AAGAATCCTT CATATTGTTG TTCAACTTGA TGTACTGCAT 300  
 CATTTAATGT TTGATGCGTT TTTACATCAC TGTCACCAAA AACTCATTC TTATAAATAT 360  
 35 TATTTTCAAC TTCTGGAAAG AACAAAGTAAC CAATGCCCCGA AATGGTTAAA GTGATTAACA 420  
 GTGGAGCAAT AAATATTGCT GCATAGAAAT GTAATCTTTG TAATGGATTA AATGTATTTT 480  
 TCATATTTCC CTCCCAATTG GCTATTATAC GGTGTCAATT CTGTGATGTG TGTGAACAAA 540  
 40 CTGTGACAAT ATTTATTTTC TAGAAAAATT TAACGATGAT TTGTGATTTT TAGAAAAATG 600  
 AACTTTTAAG TTGGAATGTT TGAAGAAAAT TGATTATTCG TATGTTTTAT CAAGCAGCTA 660  
 TGATAAAATT TAAACATAAT ACAATGCGAG CCATTTAACG ATCTATGTTT AAATGGACAT 720  
 45 CGATATTGTA TGAATTCGTT GTAACAAGCA AGCATTTCTA TGTGAACGAA CCAAAGGGGA 780  
 AAGTAACATG ATTAATAAAG AACAAATTAGA TCTTTTATAT AAATTAAAAA AAGAAGTTGA 840  
 50 AAAGTCGCGA AATGAAGCAC TTTTACATAC AATTAACCAA GTAATTAAGA AAGTATATTT 900  
 GCAGCAATAT ACATGTTTCGT TCGTTGGACA TTTTCTGCA GGTAAATCGA CACTGATAAA 960

55

TATTGTGTCA GTTTCAGACA ATCACGATAT TATTGCTAAT TTGCCGAATC AAACGTATGC 1080  
 CAAATTATCT AATTATGATG AAGTAAGGGA AATGAATCGC CAAAATGTCG ACGTTGAATC 1140  
 5 TGTAGAAATT AATTTTCAAT CAGCTAAATT TGAAAATGGG TTTACGTTGC AAGATACACC 1200  
 AGGTGTTGAT TCAAATGTTG CATCACATCA GTCAATAACA GAACAATATA TGTATACAAG 1260  
 TAATATGATA TTTTATACGG TTGACTATAA CCACGTTCAA TCTGAACTTA ACTTTAAGTT 1320  
 10 TATGAAGCAT ATAAATGATG TTGGaATACC TGTTGTGTTT ATCATTAAATC AAATTGACAG 1380  
 CATCCAAGAC GATGGAATTG TCATTCTCTA CGTnTTAAAT CTCGAGTTGG AAAAATCAAT 1440  
 TGGC 1444

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 480:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 6309 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 480:

GCAGCAGCTT ATCGTGAGTT ATCATTATTA TTACGTAGAC CTCCAGGTCG TGAACcATAC 60  
 CCAGGTGACG TATTCTACTT ACATAGTAGA tTATTAGAAA GAGCAGCAAA ATTAAACGAT 120  
 30 GACTTAGGTG GCGGTTCAAT TACTGCATTA CCAATTATCG AAACACAAGC TGGTGATATT 180  
 TCAGCTTATG TACCAACAAA CGTTATTTCA ATTACAGATG GACAAATCTT CTTACAATCT 240  
 GATTTATTCT TCTCAGGTGT AAGACCAGCG ATTAATGCCG GACAATCTGT ATCTCGTGTT 300  
 35 GGTGGATCTG CACAAATTAA AGCAATGAAG AAAGTTGCTG GTACGTTACG TCTTGACTTA 360  
 GCGTCATACA GAGAACTTGA ATCATTTGCA CAATTCGGTT CAGACCTTGA TGAATTTACT 420  
 GCAAGTAAAT TAGAACGTGG TAAACGTACT GTTGAAGTCT TAAACAAGA TCAAAACAAA 480  
 40 CCATTACCAG TCGAACACCA AGTGTTGATT ATTTATGCAT TAACAAAAGG ATATTTAGAT 540  
 GATATTCCAG TTGTAGATAT CACACGTTTT GAAGACGAGT TAAACCACTG GGCAGAATCA 600  
 AATGCTACTG AACTGTTAAA TGAAATCAGA GAACTGGTG GCTTACCAGA TGCTGAGAAG 660  
 45 TTTGACACAG CAATTAACGA ATTCAAAAAA AGCTTTAGCA AATCTGAATA ATAAACAAGT 720  
 TTAGTATAAG GTGGTGAGAT AGTGGCTTCT CTAAAGAAA TAGATACTCG AATAAAATCA 780  
 50 ACCAAAAAAA TGAAGCAGAT TACGAAAGCG ATGAACATGG TATCAAGTTC AAAACTTCGT 840  
 AGAGCTGAAA AAAATACAAA ACAATTCACA CCATATATGG ATAAATGCA AGATGCAATT 900

	ACTAGAAGTG GATATTTAGT TATCACGAGT GATAAAGGTT TAGCAGGTGC ATATAGTGCA	1020
	AACGTGCTTA AAAAATTGAT TACTGATATT GAAGCGAAAC ATCAAGATAG TAGCGAATAC	1080
5	AGTATTGTAG TTTTAGGGCA ACAAGGTGTT GATTTCCTAA AAAATAGAGG TTATGACATT	1140
	GAGTATTCTC AAGTAGACGT ACCTGATCAA CCTTCTTTCA AATCTGTTCA AGCACTAGCT	1200
	AACCATGCTA TAGACTTATA CAGTGAAGAA GAAATTGATG AATTAAATAT ATACTATAGT	1260
10	CATTATGTCA GCGTTCTTGA AAACAAGCCT ACATCTAGAC AAGTATTACC ATTATCTCAA	1320
	GAGGATTCTA GTAAGGGGCA TGGTCATTTG TCTTCTTATG AATTTGAGCC AGATAAAGAA	1380
	TCTATCTTAA GTGTAATCTT GCCTCAATAT GTTGAGAGTT TGATTTACGG AACAAATATTA	1440
15	GACGCAAAAG CAAGTGAGCA TGCAACACGT ATGACTGCCA TGAAAAATGC CACTGATAAT	1500
	GCAACTGAAC TTATTGATGA CTTATCATTGA GAATATAACA GAGCGAGACA AGCAGAAATT	1560
	ACGCAACAAA TTAAGTAAAT TGTGTTGGT TCCGCAGCGC TTGAATAATA TTTAAAGGAG	1620
20	GAAAATAGCA TGGGAATTGG CCGTGTAACCT CAAGTTATGG GTCCTGTAAT TGATGTTTCA	1680
	TTTGAACATA ACGAAGTTCC TAAATTAAT AACGCCTTGG TTATTGATGT GCCTAAAGAA	1740
	GAAGGTACAA TACAACCTAAC ATTAGAAGTT GCGCTGCAAT TAGGTGACGA CGTTGTTTCGT	1800
25	ACAATTGCCA TGGATTCAAC TGATGGTGTC CAAAGAGGCA TGGATGTAAA AGATACAGGC	1860
	AAAGAAATTA GTGTACCTGT TGGTGACGAA ACATTAGGTC GTGTATTTAA TGTACTAGGT	1920
30	GAAACAATTG ACCTTAAAGA AGAAATTAGT GATTCTGTTC GCCGCGATCC TATCCATCGT	1980
	CAAGCACCAG CATTGATGA ACTTTCAACA GAAGTTCAAA TTTTAGAAAC AGGTATTAAA	2040
	GTAGTAGATT TACTAGCACC TTATATTAAA GGTGGTAAAA TCGGATTGTT CCGTGGTGCC	2100
35	GGTGTAGGTA AAACAGTATT AATCCAAGAA TTAATTAACA ACATCGCTCA AGAGCACGGT	2160
	GGTATTTCTG TATTCGCCGG TGTAGGTGAA CGTACTCGTG AAGGTAACGA TTTATACTTC	2220
	GAAATGAGTG ACAGTGGTGT AATTAAGAAA ACAGCCATGG TATTCGGGCA AATGAATGAG	2280
40	CCACCTGGTG CACGTATGCG TGTTGCATTA TCTGGTTTAA CAATGGCTGA ATATTTCCGT	2340
	GACGAACAAG GTCAAGACGT ATTATTATTC ATCGATAACA TTTTCAGATT TACACAAGCT	2400
	GGTTCTGAGG TATCTGCATT ATTAGGTCGT ATGCCTTCTG CAGTAGGTTA CCAACCAACA	2460
45	CTTGCTACTG AAATGGGACA ATTACAAGAA CGTATTACGT CTACAACAAA AGGATCAGTT	2520
	ACTTCTATTC AAGCGGTATT CGTACCTGCC GATGACTATA CTGACCCAGC GCCTGCGACA	2580
50	GCGTTTGCCC ATTTAGATGC AACTACAAAC TTAGAACGTA AATTAAGTGA AATGGGTATT	2640
	TATCCAGCCG TGGATCCATT AGCGTCTACA TCAAGAGCAT TGGAACCATC AATTGTAGGT	2700

55

	CAAGATATCA TTGCTATCTT AGGTATGGAC GAATTATCTG ATGAAGATAA ACAAACAGTT	2820
	GAACGCGCAC GTAGAATTCA ATTCTTCTTA TCTCAAAACT TCCACGTAGC GGAACAATTT	2880
5	ACTGGTCAAA AAGGTTCTTA TGTACCTGTT AAGACAACAG TTGCAAACCTT TAAAGATATC	2940
	TTAGATGGTA AATATGACCA TATTCCAGAA GATGCATTCC GTTTAGTTGG TAGCATGGAT	3000
	GATGTTATTG CAAAAGCTAA AGATATGGGT GTTGAAGTAT AACAAATTAGG AGGAATGGAT	3060
10	AATGAATACA TTAAACCTAG ATATTGTCAC TCCTAATGGT TCTGTTTACA ATCGTGATAA	3120
	TGTTGAACTC GTTGTTATGC AAACAACAGC TGGTGAGATA GGTGTCATGA GTGGACATAT	3180
	TCCAACCTGA GCTGCTTTAA AAACAGGCTT TGTAAGAGTG AAATTTACAG ATGGAACCTGA	3240
15	ATATATTGCT GTAAGCGATG GCTTTGTTGA AGTTAGAAAA GATAAAGTTT CAATCATTGT	3300
	TCAGACTGCA GAAACTGCAA GAGAAATTGA TGTGAAAGA GCTAAATTAG CCAAAGCAAG	3360
20	AGCAGAGTCT CACTTGGAAG ATGATGACGA CAATACTGAT ATTCATAGAG CCGAAAGAGC	3420
	TTTAGAGAGA GCAAATAACC GTTTGCGTGT GGCTGAATTA AAATAGTAAA TAAAGGGTCG	3480
	AAGATGTGAT TTCATATCTT CGACCCTTTT TTGAATTATA TTGATTTAAA GATACAAAAC	3540
25	ATGAGAGGGG GGAAGGAATT GATAAAGAAC CATTAAAGAT TTATGATGTA GTGGTTCTTT	3600
	ATCATTAAAC ACAGCTAATG TGTATTTAAA AATAGGaayA CATgAGTAAA ACTCATGTAT	3660
	AAGAAATACT AATTTCTAAA GAAAAAGTAT TTCTTTATGT TGGGGCCCCG TCAACTACTG	3720
30	CCAAATACAA CACTATAGAG TCTAGACATT GATTTATGTC CGACTCCCAA GAATAGTTTT	3780
	ACTTTTTTAC AATCACTAAT AGATTGCTAA AATCAAAATT TCCTTCACCA CTATCTACAG	3840
	TCGACATTTT ATTTTTTGAA ATTATCTACA TTTTTTCATA CCAAGATATT TTATAGTTAT	3900
35	GATATTTATG TAAAAAGAAT TATATAGTAA GTTAGCTTAA ACTTTACTAA AAACGGGTAT	3960
	TAAACTTTGT ATCATTATTT AAATTTTTCA TGTACAATGT AATACAGTAA TCTTATGAGG	4020
	TGATAAAATG GATTATATCG GACAATATGC AGTTATCCAT TTAGTGTTAC ATGTTGTATG	4080
40	TATTTGTATT GCCTATTGGG CTTTACAATC AATTAGATTA GATCAATTTT TTAAAAAAGG	4140
	ATACGCCACT CAATTACAAG TGTGTATGAT ATTTGTTGCT ATTTTATTAG GCACTGCAGT	4200
45	AAGCAATTTT ATTGTAGATT TGTTACAATA CTCGACGCAG GTAAAATATT TAATAAAATA	4260
	AGTCTAACTC TATGATTTGT AATCAAAACT AGATATAATT AAATAATGAC TTAAAAATAAT	4320
	TTTAAAAATAG GGAAATGTAA AGTAATAGGA GTTCTAAGTG GAGGATTTAC GATGGATAAA	4380
50	ATAGTAATCA AAGGTGGAAG TAAATTAACG GGTGAAGTTA AAGTAGAAGG TGCTAAAAAT	4440
	GCAGTATTAC CAATATTGAC AGCATCTTTA TTAGCTTCTG ATAAACCGAG CAAATTAGTT	4500

55



	GACGTTACAT ACAAAAAGGA CGAAAATGCT GTTGTCGTTG ATGCAACAAA GACTCTAAAT	4620
	GAAGAGGCAC CATATGAATA TGTTAGTAAA ATGCGTGCAA GTATTTTAGT TATGGGmCCT	4680
5	CTTTTAGCAA GACTAGGACA TGCTATTGTT GCATTGCCTG GTGGTTGTGC AATTGGAAGT	4740
	AGACCGATTG AGCAACACAT TAAAGGTTTT GAAGCTTTAG GCGCAGAAAT TCATCTTGAA	4800
	AATGGTAATA TTTATGCTAA TGCTAAAGAT GGATTAAAAG GTACATCAAT TCATTTAGAT	4860
10	TTTCCAAGTG TAGGAGCAAC ACAAATATT ATTATGGCAG CATCATTAGC TAAGGGTAAG	4920
	ACTTTAATTG AAAATGCAGC TAAAGAACCT GAAATTGTCG ATTTAGCAAA CTACATTAAT	4980
	GAAATGGGTG GTAGAATTAC TGGTGCTGGT ACAGACACAA TTACAATCAA TGGTGTAGAA	5040
15	TCATTACATG GTGTAGAACA TGCTATCATT CCAGATAGAA TTGAAGCAGG CACATTACTA	5100
	ATCGCTGGTG CTATAACGCG TGGTGATATT TTTGTACGTG GTGCAATCAA AGAACATATG	5160
20	GCGAGTTTAG TCTATAAACT AGAAGAAATG GCGTTGAAT TGGACTATCA AGAAGATGGT	5220
	ATTCGTGTAC GTGCTGAAGG GGAATTACAA CCTGTAGACA TCAAACTCT ACCACATCCT	5280
	GGATTCCCGA CTGATATGCA ATCACAAATG ATGGCATTGT TATTAACGGC AAATGGTCAT	5340
25	AAAGTCGTAA CCGAACTGT TTTTGAAAAC CGTTTTATGC ATGTTGCAGA GTTCAAACGT	5400
	ATGAATGCTA ATATCAATGT AGAAGGTCGT aGTGCTAAAC TTGAAGGTAA AAGTCAATTG	5460
	CAAGGTGCAC AAGTTAAAGC GACTGATTTA AGaGCAGCAG CCGCCTTAAT TTTAGCTGGA	5520
30	TTAGTTGCTG ATGGTAAnAC AAGCGTTACT GAATTAACGC ACCTAGATAG AGGCTATGTT	5580
	GACTTACACG GTAAATTGAA GCAATTAGGT GCAGACATTG AACGTATTAA CGATTAAATC	5640
	AGTAAATTAA TATAATGGAG GATTTCAACC ATGGAAACAA TTTTGTGATTA TAACCAAATT	5700
35	AAACAAATTA TACCTCACAG ACAGCCATTT TTATTAATTG ATAAAGTAGT TGAATATGAA	5760
	GAAGGTCAAC GTTGTGTGGC TATTAAACAA GTATCAGGAA ACGAACCATT CTTTCAAGGG	5820
40	CATTTTCCTG AGTATGcGGT AATGCCAGGC GTATTAATTA CTGAAGCGTT ActCAAACAG	5880
	GTGCGGTAGC TATTTTAAAT AGTGAAGAAA ATAAAGGTAA AATCGCTTTA TTTGCTGGTA	5940
	TTGATAAATG TCGTTTTAAA CGTCAAGTAG TACCTGGTGA TACTTTAACG TTGGAAGTAG	6000
45	AAATCACTAA AATTAAAGGA CCAATAGGTA AAGGTAATGC TAAAGCTACT GTCGATGGTC	6060
	AACTTGCTTG TAGTTGTGAA CTTACATTTG CAATTCAAGA TGTAATAATA AACAAAAAA	6120
	ACATTCAAAG ATTTAATGTG TTGGCATAAT CTTTGAATGT TTTTATTTT ACTCTTCTAA	6180
50	TTTTTCATCC TTAACTTTG GTTTAGACTG CaTCATTGCA TTAAATGATT TTTTAAATTC	6240
	TTCACCAGAT AATCCATCAT CAATAAGTTG GTTCTAATAA ACTTTCAGCA TACTGTTGGA	6300

55

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 481:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1717 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 481:

```

AGTTGCTACA CCAGACATGA TGGGTGAAGT TGGTAAATTA GGTCGTGTAT TAGGACCAAA      60
AGGTTTAATG CCAAACCCTA AAAGTGAAC TGTAACAATG GATGTTAAAA AAGCTGTTGA      120
AGAAATCAAA GCTGGTAAAG TAGAATATCG TGCTGAAAAA GCTGGTATCG TACATGCATC      180
AATTGGTAAA GTTTCATTTA CTGATGAACA ATTAATcGAA AACyTCaATA CyTTACAAGA      240
TGTATTAGCT AAAGCTAAAC CATCATCTGC TAAAGGTACA TACTTCAAAT CTGTTGCTGT      300
AACTACAACA ATGGGTCCTG GAGTTAAAAT TGATACTGCA AGTTTCAAAT AATAAATGAT      360
ATAACAATT ACAGGCTGAA AGAAATATCT TTCAGTCTGT AAAAATATAT TGACAATAAG      420
TAATTTCCAA GTTATATTAC TTATTGTGAT TATTTTACCT AAGACAGTAG GAGTTATTTA      480
TAACTTAAAA TTTATCCTGC CGAGGCTAAA ATTGACTTGA ACGTGATGAT CTATGATCTT      540
TCAAGCACTT TTTGCCGTGG GTAGAAAGTG CTTTTTTTAT TAATTTTAAA AAAAGCACCA      600
AAAATTTAAA TGGAGGTGTC TGAATGTCTG CTATCATTGA AGCTAAAAAA CAACTAGTTG      660
ATGAAATTGC TGAGGTACTA TCAAATTCAG TTTCAACAGT AATCGTTGAC TACCGTGGAT      720
TAACAGTAGC TGAAGTTACT GACTTACGTT CACAATTACG TGAAGCTGGT GTTGAGTATA      780
AAGTATACAA AAACACTATG GTACGTCGTG CAGCTGAAAA AGCTGGTATC GAAGGCTTAG      840
ATGAATTCTT AACAGGTCCT ACTGCTATTG CAACTTCAAG TGAAGATGCT GTAGCTGCAG      900
CGAAAGTAAT TTCTGGATTT GCTAAAGATC ATGAAGCATT AGAAATTAAA TCAGGCGTTA      960
TGGAAGGCAA TGTTATTACA GCAGAAGAAG TTAAAACTGT TGGTTCATTA CCTTCACACG     1020
ATGGTCTTGT ATCTATGCTT TTATCAGTAT TACAAGCTCC TGTACGCAAC TTCGCTTATG     1080
CGGTTAAAGC TATTGGAGAA CAAAAGAAG AAAACGCTGA ATAATTTTTA GCGTAAAAAA     1140
ATTAAAAATA ATGGAGGAAT TATAAAATGG CTAATCATGA ACAAATCATT GAAGCGATTA     1200
AAGAAATGTC AGTATTAGAA TTAAACGACT TAGTAAAAGC AATTGAAGAA GAATTTGGTG     1260
TAcTGcAGCT GCTCCAGTAG CAGTAGCAGG TGCAGCTGGT GGCCTGACG CTGCAGCAGA     1320
AAAAACTGAA TTTGACGTTG AGTTAACTTC AGCTGGTTCA TCTAAAATCA AAGTTGTTAA     1380

```

TCCTAAAGTA ATCAAAGAAG CTTTACCTAA AGAAGAAGCT GAAAAACTTA AAGAACAATT 1500  
 AGAAGAAGTT GGAGCTACTG TAGAATTAAA ATAATTCAAG TATCTTAAAC TTAATAATCA 1560  
 5 AAGTTTTATA GCAAGTATTG CTATAATATA ATGATTCTTT GAGAAGTTAA AACCCCGTTA 1620  
 TTTTGATAAC GGGgTtTTAT TCaTTTAAAG ACTGAGTGAA ATGTTATAAT TATAATGACG 1680  
 AGTTACAAAG TGAAGATGAG GTGGGAATAA TGAGTCA 1717

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 482:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1279 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 15 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 482:

GTAAATCTGT TACTCGAAAT GTAACGATTA AAGAAAAGGG CTCATCTCAA ACATATATTT 60  
 TGTTAGGCTA TCCAACAAAA GCACAGAAGA ATAGTCATAG CAAATATAGT GGAGTCTTTA 120  
 25 TATATAAAGA CTTGAAATCA ATCGAAGATA CAAATAATGC TATTACGATT ATCACCATAA 180  
 TTACGGCTGT TATTTTCTTA ACAATTACAA CAGTCTTTGC GTTTTCTTA TCGTCAAGAA 240  
 TTACAAAACC TTTAAGACGT TTAAGAGACC AAGCTACACG TGTATCTGAA GGGGATTACT 300  
 30 CTTATAAACC TTCTGTCACA ACGAAAGATG AAATTGGTCA ATTATCGCAG GCATTTAATC 360  
 AGATGAGTAC AGAAATCGAA GAGCATGTCG ACGCATTATC CACATCTAAA AATATTAGAG 420  
 ACAGCTTAAT TAACTCTATG GTAGAAGGTG TCCTAGGTAT TAATGAGAGT CGACaAATTA 480  
 35 TCTTATCTAA TAAGATGGCG AATGATATTA TGGACAATAT TGATGAAGAT GCTAAAGCTT 540  
 TCTTATTAAG ACAAATAGAA GATACTTTTA AATCAAAACA AACTGAAATG CGCGATTTAG 600  
 AAaTGAATGC ACGATTCTTT GTTGTGACCA CAAGCTATAT CGACAAGATT GAACAGGGAG 660  
 40 GTAAaAGTGG TGTGTTGTG ACAGTTCGTG ATATGACTAA TGAGCACAAT CTAGATCAAA 720  
 TGAAGAAAGA TTTCATTGCT AATGTATCAC ATGAATTACG TACACCGATA TCATTACTTC 780  
 45 AAGGTTATAC TGAATCAATT GTAGATGGTA TTGTTACAGA ACCGGATGAA ATAAAAGAAT 840  
 CGCTTGCCAT TGTCTTGAT GAATCGAAAC GTTTAAATCG TTTAGTTAAT GAATTGTTAA 900  
 AIGTCGCACG CATGGATGCT GAAGGGTTAT CCGTAAATAA AGAAGTTCAG CCTATTGCAG 960  
 50 CGTTACTAGA TAAGATGAAA ATTAAGTATC GCCAACAAGC TGATGATTTA GGTCTAAATA 1020  
 TGACTTTTAA TTAYTGTAAG AAGCGTGTTT GGAGTTATGA TAWGGATCGC ATGGACCAAG 1080

55

TTACTTGTGA TGAAAATGAA AGCGAAGATA TTTTATACAT TAAAGATACA GGTACAGGCA 1200  
 TTGCACCAGA ACATTTACmA CAAGTATTTg ATCGTTTTTA TAAAGTTGAT GCAGCGnAnA 1260  
 5 ACCCCGnGGT AACCAmGTA 1279

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 483:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1144 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 483:

GAGCTGTTGT TACTTTGATG CCTGCAGCTT TATTACGGCT GACTTGGTAA TGATAAGTTT 60  
 20 CAGCATATTG CTCAATATAT GCTATATCAT ATTGAATGGT ACGAGGTGAT ACACCAAGTT 120  
 GATTAGCAAT GGTATTGATT GGAATAAACG TTTGCTCATG AATTAAAAGA TACAAAATTT 180  
 CGATTTGTCT ATAACCTAAC AACGTAATAT CCTCCTATTT GTAATTGTAA GCGATTTCTT 240  
 25 AAAAACGTAG ATATGCAATC TCTTTCATAT TTTAATCCGA AAAATTGCAT ATCAAAATGT 300  
 TTATGGCGCA AGATTTTATA GGAACCTTTTA AAATAAATTA TATATTCATG TTGACAATTT 360  
 AAAAATGTCG CAGTATATTT AGTTAGACAT CTAACGAAAT GGTGGTGCAA TAAATGGAAT 420  
 30 TCACTTATTC GTATTTATTT AGAATGATTA GTCATGAGAT GAAACAAAAG GCTGATCAAA 480  
 AGTTAGAGCA ATTTGATATT ACAAATGAGC AAGGTCATAC GTTAGGTTAT CTTTATGCAC 540  
 ATCAACAAGA TGGACTGACA CAAAATGATa TTGcTAAAGC ATTACAACGA ACAGGTCCAA 600  
 35 CTGTCAGTAA TTTATTAAGG AACCTTGAAC GTAAAAAGCT GATCTATCGC TATGTCGATG 660  
 CACAAGATAC GAGAAGAAAG AATATAGGGC TGACTACCTC TGGGATTAAA CTCGTAGAAG 720  
 CATTCACCTC GATATTTGAT GAAATGGAAC AAACACTCGT ATCGCAGTTA TCTGAAGAAG 780  
 40 AAAATGAACA AATGAAAGCA AACTTAACTA AAATGTTATC TAGTTTACAA TAAATGATAA 840  
 GTGTGACTGG TAGAAATCAG TCACTTTGTC TTTAATATTA TAGTTAGATA TCTAATTGTT 900  
 45 AGTAAGCTAA TTATTGGAAG AGACAAGGAG TATTGAACAA TGAAAGACGA ACAATTATAT 960  
 TATTTTGAGA AATCGCCAGT ATTTAAAGCG ATGATGCATT TCTCATTGCC AATGATGATA 1020  
 GGGACTTTAT TAAGCGTTAT TTATGGCATA TTAAATATTT ACTTTATAGG ATTtTyAGAm 1080  
 50 GAYAGCCACA TGATTTCTGC tAatCTCTCT AACACTGCCA GTATTTGCTA TCTTAATGGG 1140  
 GTTA 1144

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1158 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 484:

10	ACAACCAATT TTACTAAACA TGGTrrrTCAT gCATTtTTCAA TATTtTAGATG TCGACCGCAT	60
	AATCGAAGAA TCGCCGACAA TAGTACTTAT CGATGAGTTA GCACATACGA ATATTtTCTAG	120
15	AGATCGTCAT GAGAAACGAT ATATGGATAT TGAAGAAATT TTAAATCATG GTATCGATGT	180
	TCATACCACT TTGaACATTC aaCATATTGA AAGTTtTAAGT AGTCAAATTG AACTGATGAC	240
	CGGTGTACAT GTTAAAGAAC GTGTACCCGA CTATTtTCATA ATGAGCGCCG ATGTATTAGA	300
20	AGTCGTAGAT ATCTCACCTG AACAATTAAT TAAACGCTTA AAAGCTGGCA AGGTATATaA	360
	AAAGGATAGG CTAGATGTAG CATTtTAGTAA TtTCTTTACG TATGCCCACC TAAGCGAAtG	420
	CGTACATTGA CGTTAAGAAC AGTTGCCGAC TTGATGAGTG ATAAAGAAAA AGTCCGACAC	480
25	AACCATAAAA CGTCACTCAA ACCTCATATT GCTGTGGCAA TTAGTGGGAG CATTtTATAAT	540
	GAAGCAGTAA TTAAAGAGGC ATTCCATATT GCTCAAAAAG AACATGCGAa GTTCACTGCT	600
	ATTtTATATAG ATGTATTtCGA AAAAAACAGG CAATATAAAG ATAGTCAAAA GCAAGTGCAT	660
30	CAACATCTCA TGCTTGCAAA ATCATTAGGA GCAAAAGTAA AAGTAGTTTA TAGCCAAACC	720
	GTTGCATTAG GATTAGACGA ATGGTGTAaA AATCAAGATG TAACCAAATT AATTATCGGA	780
	CAACATATTA GAAATAAGTG GCGAGACTTT TTCAATACAC CTTTAATTGA CCATTtTAATG	840
35	TCCTTTGAAC ATAGCTATAA AATCGAAATC GTTCCAATCA AACAAATACC TGTtGAATTG	900
	AAAATGAACA AATCACCCtTA TCGTCCTAAA GGCAAACGTT TCGCCATAGA TATGTtAAAA	960
40	ATGATTtTTGA TTCAAATAAT TTGTGTAAATG ATGGGACTGT GGATTtTATCA ACTTGATAAG	1020
	CATGAGTCTA GTACGATTAT TTTAATGATT TTTCTCATCG GCATCATTTT ATTATCCATT	1080
	TGGACGCGGT CCTTCATCAT TGGCTTTtTaG CAGCAATTAt TAACGTATTT GTgTkTAATT	1140
45	ATkTTTTtTAC GGAACCTA	1158

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 485:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2224 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear



(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 485:

	ATCATATGGT CGATTTAACA GATCCAACGT ACTGCTAAAT AATTACATGA CGTTTAAACA	60
5	TAGCATTGAT TATAACTATT TCTAAGTCTT CGCATTATTT GCGATGATGT GGGAATAGTT	120
	ATTTTATTT AAAAATATAA AAAAATAGAT GCAGCAAAAT TTTAAAGCAT TTTATTTTGA	180
	ACATATTAAA AGGGAGCGTA TCATAATGGA ATGTAATGTT TATATCGTAT GCATTACGGA	240
10	TAAATAATAT ATAAATCATT CTTGAGGAGT GAAAGAATAA TGAGAGACTA CACAAAGCAA	300
	TACATTAATG GCGAATGGGT AGAAAGTAAT AGTAATGAAA CGATAGAAGT TATAAATCCA	360
	GCAACCGAAG AAGTAATCGG GAAAGTTGCT AAAGGTAATA AAGCTGATGT TGATAAAGCC	420
15	GTCGAGGCGG CAGACGATGT TTATTTAGAG TTCCGTCATA CATCTGTGAA AGAAAGACAA	480
	GCGTTATTAG ATAAAATTGT AAAAGAmTAT GAAAACAGAA AAGACGATAT TGTACAAGCT	540
	ATTACGGATG AATTAGGTGC TCCTTTATCA TTATCTGAGC GTGTCCATTA TCAAATGGGA	600
20	CTAAACCATT TTGTTGCAGC GAGAGACGCA TTAGATAACT ACGAATTTGA AGAACGCCGC	660
	GGAGATGATT TAGTTGTTAA AGAAGCAATC GGTGTATCTG GATTAATTAC ACCGTGGAAC	720
	TTCCCTACAA ACCAAACATC ATTAAAATTA GCAGCAGCAT TTGCGGCTGG TAGTCCAGTT	780
25	GTACTTAAAC CATCTGAAGA AACACCATTT GCAGCTGTTA TTTTAGCTGA GATTTTTGAT	840
	AAAGTCGGTG TTCCTAAAGG TGTATTTAAC CTTGTTAATG GTGATGGTGC TGGTGTGGG	900
30	AATCCTTTAT CTGAACATCC TAAAGTACGC ATGATGTCAT TTACAGGATC AGGCCCTACT	960
	GGTTCTAAAA TTATGGAAAA AGCCGCTAAA GATTTTAAAA AGGTATCATT AGAGCTTGGT	1020
	GGCAAATCAC CATATATCGT CCTAGATGAC GTAGATATTA AAGAAGCGGc TAAAGCAACa	1080
35	aCAGGCAAAG TTGTTAATAA TACTGGTCAA GTATGTACAG CTGGTACACG TGTTTTAGTG	1140
	CCTAACAAAA TTAAAGATGC ATTCTTAGCT GAATTAAAG AACAAATTTAG CCAAGTGCCT	1200
	GTCGGTAATC CAAGAGAAGA TGGTACACAA GTAGGCCCTA TCATTAGTAA AAAACAATTT	1260
40	GATCAAGTAC AAAATTATAT TAATAAAGGT ATTGAAGAAG GTGCTGAATT ATTTTATGGT	1320
	GGTCCTGGTA AACCAGAAGG ACTTGAAAAA GGATACTTTG CACGTCCGAC AATTTTTATT	1380
	AATGTAGATA ATCAAATGAC GATAGCACAA GAWGAAATTT TTGGGCCAGT AATGTCAGTT	1440
45	ATCACTTATA ACGATTTAGA TGAAGCGATT CAAATTGCAA ATGATACAAA ATATGGTTTG	1500
	GCAGGATATG TTATTGGTAA GGACAAAGAA ACATTGCATA AAGTAGCTCG TTCTATTGAA	1560
	GCAGGTACAG TAGAAATAAA CGAAGCAGGT AGAAAGCCAG ATTTACCATT TGGTGGCTAT	1620
50	AAACAATCTG GTTTAGGTCG TGAATGGGGC GATTATGGTA TTGAAGAGTT CTTAGAAGTG	1680

55

AGTGCACATG ACTAATTAAG TTTTGTGTAC TGTTTTAATT TTGCAATTTT TATAAATAGA 1800  
 TTTTGTAATT AAAATAAAAA TTTGCTATAG TTATTCATGT ATTTAAAAGG TTGGGGATTA 1860  
 5 GCATAATGGG ATTGTGCTAG CACAGTTATT TATGCATTGT CATGCCTATC TATTACTTAC 1920  
 TAACTAAAAA ATAATGAAAT GGGTGTAAC TATATGCCTG AAAGAGAACG TACATCTCCT 1980  
 CAGTATGAAT CATTCCACGA ATTGTACAAG AACTATACTA CCAAGGAACT CACTCAnAAA 2040  
 10 GCTAAAACTC TTAAGTTGAC GAACTATAGT AAATTAAATn AAAAAGAACT TGTTCTAGCT 2100  
 ATTATGGAAG CACAAATGGA nAAAGATGGT AACTATTATA TGGAAGGTAT CTTAGATGAT 2160  
 ATACAACCAG ATGGTTATGG TTTTTTAAGA ACAGTGAAC TTTCTAAAGG GGAAAAAGAT 2220  
 15 ATTT 2224

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 486:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 20 (A) LENGTH: 1690 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

25  
 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 486:

ACATTACnTT GAATCGAAAG TTTCATAAAC GACTTGAATG CCAGTTTCTT TTTCAAATTT 60  
 30 CTTAATTAAC TCTGGATCAA TATATTCGCC CCAATTGTAT ACGTAAATTT TTTGATTTGT 120  
 ATGCACTTGT TCTTTAGATT TAAACCAATG ACTTAAAGTA AGACAAAGCA TACCCACAAC 180  
 TAATGCACCT ATAATGAGTT GTAAAAATCG TTTCATTATT TTACACCTCG CTTGATTAGT 240  
 35 TTTTCTTAT TTATCACGTA TTGAATCAAA TAATATCCTA GTATTCCTAA TACAATAACA 300  
 GCAAACAATA ATGTTGAAAT CGCATTAAAT TCCATACTAA TTCCTTTTCT CGCCATAGCA 360  
 TAAACTTCAA CTGATAACAC ACTAAAGCCA TTACCAGTAA CGAAGAACT TACTGTGAAA 420  
 40 TCGTCTAGTG AATAAGTTAA AGCCATAAAG AATCCTCCTA TAATAGAAGG TAAAATATTA 480  
 GGAATAATAA TGTTGCTTAA TAATTGTGGT TCAGTCGCTC CTAAATCTCT TGCAGCATTT 540  
 AACATATTAT TATTCATyTC ATACAGTTGT GGTAAGACGA TAATCACAAC TATAGGTATG 600  
 45 CAAAATGCAA TATGAGATAT TAGAACTGTC CaAAAkCCTA AACCAAGACC AGTAAAATGG 660  
 CCAATCGTTG TAAACATAAT TAAGAATGAT GCACCTATGA CAACGTCGGA TGATACCATC 720  
 AAGACATTAT TCAATGTTAG TAAAGTTACT TTAACTTTT TATTTCTTAA ATAATAAATA 780  
 50 GCAATGGCAC CAAATGTACC AATAACTGTA GAAATTGAGG CTGCTAAAAG TGCTACAGCT 840

55

AATGTAAAAT GTTCAAAGTG AATCATATTA CCAGCCGAAT TGAATGAATA GAACATTAAA 960  
 AAGAATATTG GGATGTATAA AATCGCTAAA AGTATCCCGA TATACAGCTT TCCATACCAT 1020  
 5 TTCATATGAT TCACCCTCTC CCATTAGATG ATTTTGTAAT GATTAAAATG AATGCCATAA 1080  
 ATACAATTAA GAATATAGCT ATAGTTGATC CCATACCATA ATTTTGAATT GTTAAAAATT 1140  
 GTTCCTCTAT TGCCGTACCT ATATTTATGA CTTTATTACC TGCAATTAAT CTTGTAATCA 1200  
 10 TAAATAATGA AAGTGATGGA ATAAAGGTTA CTTGAATCCC AGTCATAACA CCTTCTTTTG 1260  
 TTAACGGCAT GATTACTTTT CTAAAAGTAT AGAAAGGACT GGCACCTAAA TCACTTGAGG 1320  
 CCTGCAATAA ATTATTAGGA ATTGCTTTCA TGCTATTAAA TATAGGTAAA ATCATAAATG 1380  
 15 GTATATAAAT GTAACCTGCC ACTACTAAAA ACGCACCAGT TGTAAATAAC AAATTGAATG 1440  
 ATGGTAAATT AAATAAGTGG AAAATTGATT AATCACGCCA TCATGACTTA ATAAACCTAT 1500  
 AAAAGCATAT GTCTTTAACA ATAAATTTAT CCATGTTGGA ATAATCATT TCATTATAA 1560  
 20 GATATTTTGA AATTTCGAAC GAGTAATATA ATAGGCAGnT GGATAACTGA TAGTCAAGGT 1620  
 AATAATTGTT ATTGAAGCGG CATATAAAAT TGAATATGCA AACATTTTCA AATATTTTGT 1680  
 25 AGTAAAAATT 1690

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 487:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

30 (A) LENGTH: 2112 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

35 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 487:

ACGAAAAGAA ATATTATGAT GAACAAAAAG AAAGAATAAC GATTTATATG AAGTACAATG 60  
 TGAAAGGTTA TAAAAATATA AGCTTCGCTA ATTTTAAAGA AAACCCAATG GATGGTTATT 120  
 40 CTATTAGTGG TTATATAAAT AAtGaTAAAA AGTTATCATT TACAGCTGGT ATAAGATCTG 180  
 TTGATGATTT TCAATTTGAT ACCGATATTT CTTATACAGA TGAATTGGGT AGAAAATTTA 240  
 ATAAAAATCC TAAGTCAGTT TCTGAAATAA AAAAAGAGCA AAATACGTCC AATAAATAAT 300  
 45 TGTTCATATT GTGATGAAAC AAAAATATAA GTCATTAGAT GAGTTTAACT ATGTTATAAA 360  
 TATTTGTAGT ATCTATAAAA ATCTCGACAC TATTAAAATG ATAAAGTGCC GAGGTTTTCT 420  
 TACTTATTTA GTTAATTCAA AGTTTATGCC AGATTCATAA GAATTTGTGA CACTTTTAAT 480  
 50 AGTGTAccAT TGATTATTAC AATTTATCAA ATGGTCCTTT AGAAGGTATA AATAACAAAA 540

55

EP 0 786 519 A2

	TATTATTATG TTCAAACTT TACGCTCCAA AAAGTAAAAA GGAAGTTAAG CAATGTTTAG	660
	TTGCTTAaCT TCGGaTATTG AACGCATCAG TCCAATTTGA CATAGAGCCT TTTTITAGTTC	720
5	TTGATGTTTC TCTTTAAAAC CTTGCATATT TTACAAAAAG AAAAATTAGC AGTATAATTA	780
	AGACAACGAA AATAAGTATT TACTTATACA CCAATCCCCT CACTATTTGC GGTAGTGAGG	840
	GGATTTTTAT TGGTGCGGCT ATATGTCACC TATTTTGTAT TGCGTCTACT TAGCCAATAA	900
10	GAAAAAACG CAATGGCACA GCCACTGATG ACTGGTGCTA TGATGTGAAC GaAAATAAGC	960
	ATCACCTTAT ACACCTCCTC TCTGCGTCTA AATTGACGSc TGAGaGrTAG GcGACTCTAC	1020
	TATTATATCA TCGGCAAATA TACAAGCACA GTCACCTTGCT TCTGATAAGT TATATGATTTC	1080
15	TAGCTGATAG ATTGAATCGT CTACACTTAA TTGGACAAAT TCTATGAGAA TAGATATTGT	1140
	TAATTTAAGA AAGTAGGCGA TTTTATTATG ACAAGAGAAA GAAGATCATT TAGTTCAGAG	1200
	TTTAAGTTAC AAATGGTTAG ATTATATAAA AATGGTAAGC CTAGGAATGA AATTATACGC	1260
20	GAGTATGATT TCACACCTTC GACGTTTGTA AATGGCGGTT ATAAAATGTA GGAAAATGGA	1320
	TAAAGCAACA TCAAAACACG GGTACATTCA ATCACCAAGA TAACTTATCG GATGAAGAAA	1380
	AAGAGCTGAT TAAATTACGC AAAGAAGTTC AACATTTAAA AATGGAGAAC GATATTTTAA	1440
25	AGCAAGTAGC GCTGATTATG GGGCAAAAAT AGAAGTCATT CAAAAGAATG CACATCAATA	1500
	TTCAGTATCA GCAATGTGTA AAGTCCTGAT AATACTAAGA AGTACCTATT ATGATTCTAT	1560
30	AAAAAGAAAA GATAATAAAA TCACTAAAGA TGATTCAAAC ATAGAACATG CCGTCATAAA	1620
	TATTTTTAAT TCTAATAGAA AAGTCTTTGG TACAAGACGA ATTAAAAATC ATTTAAATGA	1680
	CAAGGGTCTC ACTGTATCTG GACAAAAGAT AGGTGATCA TGAAAAATC TAGTTTCTGT	1740
35	TTATACGAAA TCTAAATACA AAAATCATCT AAAAGAACT AATGAAAAAC GAATTAAAAA	1800
	TCTTTATTAT TAGCTGCTGG TGTATTATTT GTTAGTCCAA TTTcATTATC TTATAATTCA	1860
	GATGTAGCTC ATGCTGAAGA TAAGTTAGAC CATTCTCAAG CAAAGGTAAT ATATTTGAGT	1920
40	AACCAAAATT TATTTGATGA ACTTGAGAAA AAAGGTTATA AACTGGAAGA TATATTTACA	1980
	AAAGAAGAAA TAAAAAATA TAAAGCTGAA GACCAATTGA GAGCGGGTAA AACTCAATAT	2040
	GTAGAAACAG GTAAAGATAC TGCAACATTA TATCTTTCTT CTGCATATAC AAAACAATA	2100
45	GCTGCTTTAG GT	2112

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 488:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 454 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 488:

5 GTAGGCACAC ATCTGCCATA TAAACATTCT TTTATACTAG TGTTCTCATA TAGTGTAGAG 60  
 TTATAGTCTC CTTCTTGAAT CTCGAATAAT TCAATCAACC TATCAACCTT AGTCTCTTCC 120  
 GTTACTTCTT TTTCAATATC AACTATGAAG GGGATATCAA TTGGAATAAA ACTTGACGTC 180  
 10 GAACACTTAT TTGTATTTGG ATGAAAACGA ACGAATCCAT CACTAAATCC TGTTGAAAAA 240  
 AATATTTTTTC CTTGTGATAG ATCCGGATTT TCTCGCGCCC ATTTAATTAA TTCATCTAAT 300  
 CTCATTTCTT TTTTAACTTT GATTTTCATT GTTATATCTC CTCTTGAACA GTAAATTTAT 360  
 15 CGTTAAATGA TACGTATCCA GTCACATTAC ATAAGATGCT ATCAACATCA AAAGTCACAC 420  
 AACAGTTGCG TTCAACATCA TTTGAATAGA ATCT 454

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 489:

20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1372 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 489:

TTGTCAGAAT TAGAATGCTT TTGAGTTACT TCATAATACT CATCAGTTTT TTGTGTATCC 60  
 30 TTTTGACTTT TATTTATTTT TTTCCACTTA CCAGTATGAC TTTCTTTTTT TACAGTTATT 120  
 TTCGGTTTGT TAAAAAATG ATAACCGATG TTCTTTTGG TATCTGTGGA CTCTAAAAAG 180  
 ACTGAATTGT TTTCTGATT ATCAGAATTG GTTGTTTGTT TATCGTCTGT ATATAACGTA 240  
 35 TACCCATTCTG CTTTGCGATT TTCAATCGTT GTAACGGAT TCTTTGATGA ATCAGTACTT 300  
 TTAATGCCAG TTCCTAAGAA GACAATTTTA TCGTTTAATA TGAAATATGA TTTTTTGGCA 360  
 GTTAAAGTTT TGTCCTGATT TTCAAAATCC ATTCCGATAC TAGCATGTTG GTCATCAACT 420  
 40 TTTGTTCCGC CAACAAAAGT TTTACTCGAC TTTTATCAT CCGTATCTTT TAATATTTCA 480  
 TTGTCTAAAG TTGTTGTACC TGATAAACGT TTCATATCGG CTGTCACCCA GAAGTTATCA 540  
 45 TGATAGTGTT TGACATCGCT GTTATATAAA TAAGACATTC CAGCACCAGT GTGCCAACCT 600  
 TTTAAATTCT CTCCGTTGAT ACTTTCATAG CGTGCTACGT TTTTCGACGT CATACTTAAA 660  
 CCAAATGCAA AGTCTAAGTC TTTGTTATGA TAGGTGACAC GATCCATGTC ATTATATATT 720  
 50 TTAAGTTGTT GTGTTAATCC GTTTTTAGAA ATACTGTTAT CTGTCATTAA AGACTTCATT 780

55



ACTGAAGATT TGACAATCTT TTTATACTTA GCTTTTGTTG AATCATCCAT GGCATCACTT 900  
 AATCTCAACA ATGATTTTCAT TACTGTTGCA GATGCTGAGT GACTGGTTTC ATTTTCACGA 960  
 5 CTGATAGCTC TACCTCGTGA TAAATCCATC ATTTACCTT TATAAATGAG TGGCATAAAT 1020  
 CCGTCGTCAA TCCATGACTT TAAGGTTGTA TCATTTTGGG TTTTATCATT AAAAGGTGTT 1080  
 TCTTTTATCA TCGGCATCAT TTGAGAAATC CCCTCTAAGA GTACAACGCC ATAAGCACCA 1140  
 10 GTGTATGGAA CGTCTTGATG ATCAATGTAA GAGCCATCTT TATAAAATCC ATTACGTTCT 1200  
 TTACCAGTGG CAGAATCTTG AACGTAAGTG AAGACTTTAT TAAATGAATC TATAGACTTT 1260  
 TTCATCATAT CTTTATCTTC TTCGATAATA CATTCTAAAA GTTTCACCTT AGAAATGTCT 1320  
 15 ACTAnATTTTC CGCCTTTAGC AAGTTCAGnT TTTCTACAC AAGATAATAT TT 1372

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 490:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 564 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 490:

ACAACAATAT AGTAAAGCGT CGTTAATTAA ACAATGGGAC CAATTGTTC GTCTTATATA 60  
 30 AATGTACTTT aCCTTTATTT TTACAAAAT AGCATTTTCC TATGTCATTT AACTAAACAT 120  
 GTAAGTTCGT ATGAACGAGG TTTGTTAAAT AGATGATTCT AGGAAAATGC TTTTTCCTTT 180  
 TGACTIONTT TAAAATATTT TGCCACTTTG TACTGATAGT AGTTGCATTG TACTGTTGTG 240  
 35 CAGATTCTAT GCTATTAATT GAAACTGTT GCAATTTTTG AGTATTATTT AGTAATTGGT 300  
 CGACCTTTTC AACCATTGTA TTGATGTCAC CTTGAGGTAC TAAATAGCCA TTAAATCCAT 360  
 CTTGaATCAG TTCTGaTGGA CCATAATCTA CATCATAACT GATCACTGGT GTACCTACTG 420  
 40 AAAGCGACTC TAAAATTGCT AAGCCAAAAC CTTCCATTTT ACTTGTCGAT AACATCAGTT 480  
 CTGCTTTAGC AATCTCTTCA TTAATATGCG TCTTAAAACC ATGAAATTTA ACATGTTCCA 540  
 GATATnATGA TAATCTTCTA CAAG 564

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 491:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1277 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 491:

5 TATCCACCCC ACGAnAGCCC CGGAAACTTA TTGTGTTACA AGATATATAA GCAGAAACGA 60  
 ACAACAGTTA ACAAATAAAA TGAAATTAAA CGTTTTAAAA ATGAAACAAA TGAAATCATC 120  
 TATTAGGTTA TGAAACTGTT TATAGCTTGA ATAGAAGCAT TTATTTTTTA GGAGGACAAT 180  
 TATTATGCGT CAAACATTTA TGGCAAATGA ATCAAACATT GAGCGCAAAT GGTATGTTAT 240  
 10 CGATGCTGAA GGCCAAACAT TAGGTCGTTT ATCATCAGAA GTAGCATCTA TCTTACGCGG 300  
 TAAAAATAAA GTAAC TTACA CACCACACGT TGATACTGGT GATTATGTAA TCGTTATTAA 360  
 TGCATCAAAA ATCGAATTTA CTGGTAACAA AGAAACTGAC AAAGTTTACT ACCGTCCTC 420  
 15 AAATCACCCA GGTGGTATCA AATCAATCAC TGCTGGTGAA TTAAGAAGAA CTAACCCAGA 480  
 ACGTTTAATT GAAAACTCAA TTAAAGGTAT GTTACCAAGC ACTCGTTTAG GCGAAAAACA 540  
 AGGTAAAAAA TTATTTGTAT ATGGTGGCGC TGAACATCCA CACGCTGCAC AACCAACCAGA 600  
 20 AACTACGAA TTACGTGGTT AATTAGAAGG AGGAAATGAC TTTGGCACAA GTTGAATATA 660  
 GAGGCACAGG CCGTCGTAAA AACTCwGtAG CACGTGTACG TTTaGTACC a GGTGAAGGTA 720  
 ACATCACAGT TAATAACCGT GACGTACGCG AATACTTACC ATTCGAATCA TTAATTTTAG 780  
 25 ACTTAAACCA ACCATTTGAT GTAAC TGAAa CTAAAGGTAA CTATGATGTT TTAGTTAACG 840  
 TTCATGGTGG TGnTTCACTG GACAAGCTCA AGCTATCCGT CACGGAATCG CTCGTGCATT 900  
 30 ATTAGAAGCA GATCCTGAAT ACAGAGGTTT TTTAAAACGC GCTGGATTAC TTAATCGTGA 960  
 CCCACGTATG AAAGAACATA AAAAACCAGG TCTTAAAGCA GCTCGTCGTT CACCTCAATT 1020  
 CTCAAAACGT TAATTGTCGG ACGATATATA CAAACACCT CGATATTATG TCGAGGTGTT 1080  
 35 TTTTGGCGT TTTTGCGGCG AATATGGAAT GTGTAGAATA TAAATGAATT TTTACCTTCC 1140  
 CACCATAAAA GATGAAGAAC CATGAATGTG GAGAACAATA AATAGTTGGA TATTCTGTTA 1200  
 TTTTTTTGGA AGTGGAAGTG GATTGGAAT ACTTTACTCn AAACGATTAA AAGGTTTAAA 1260  
 40 AAAACAACAA AnAGAAA 1277

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 492:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 45 (A) LENGTH: 673 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 492:

55

TTATTGACAT TGT TTTTATC CAAAATTCAT TGTTAAGACA TTTTCTTTAT GAAATAATAA 120  
 TnATATTGAA GTATATTTTT ATTATTATTA AAAATAAATA AGGGGATACT TATGAGCACA 180  
 5 AATCAAACAT TTTTAATATT TGT TATAGCA ATTATTCTAC TTACATCTGT AATAGGAATT 240  
 GTTGGACGAT ACATGAGTCG TCAACGTCTA TTAAAATCTA TGGAAACATT ATGGCAAACG 300  
 ATTTCTCCAT TAGAAGCTTT TATCAGACCG AACTCACATT TCGACTATGA GTATAAGCTC 360  
 10 TACAAGGAAA AATTTGAATC ACATTCATTA GTTGATGATA AACTTGGTC CGACTTAAAT 420  
 ATGAATGCAA TCTTTCATAA GATGAATTAT AATTTAACAG CTATTGGTGA AATGAAGCTA 480  
 TATGCCTGTT TACGTGGAAT GCTTTCAATT ACGAACAAAT CATTACTTAG TTTATTTAAT 540  
 15 GATAATGCTG AATTTAGAAA AAACGTAACA TATCATTTAG CTTTGATTGG tAAAACTGTT 600  
 aTCCAACATT TCCAGACCAA ATCACACCGG kAAACGTCCA AATATATTGn TCTATGCCCCG 660  
 GTTTACCAGT ATC 673  
 20

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 493:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1240 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 493:

AAAAAAGTT AATGCTGACG GTGTATTAAC TTTTGATATT CTAGAAAATA AATATACTTA 60  
 TGAAGTTATT AACGCTATAG GGAAAAGATG GATTGTTAGT CATGTCGAAG GTGAAAACGA 120  
 35 CAAGAAAGAA TATGTAATAA CTGTCATTGA TAGGAAATCA GAAGGCGACA GACAACTGGT 180  
 TGAATGTACT GCTAGAGAGA TTCCCATAGA CAAGTTAATG ATTGATAGAA TTTATGTTAA 240  
 TGTAACAGGA TCTTTTACAG TAGAAAGATA TTTTAACATT GTGTTTCAAG GTACTGGAAT 300  
 40 GCTTTTTGAA GTCGAGGGCA AAGTTAAATC TTCAAAGTTT GAAAATGGTG GTGAAGGCGA 360  
 TACAAGGTTA GAAATGTTTA AAAAGGGATT AGAACATTTT GGTTTAGAAT ATAAAATAAC 420  
 GTATGACAAA AAGAAAGACA GATATAAGTT TGTATTGACG CCTTTTGCAA ATCAAAAAGC 480  
 45 GTCTTATTTT ATTTCTGACG AAtCAACGCC AACGCTATAA AACTCGAGGA AGATGCAAGT 540  
 GATTTGCGCA CCTTCATTAG AGGATATGGT AATTATTCAG GAGAAaGAAAC ATTCGAACAC 600  
 GCTGGGCTCG TAATGGAAGC TAGAAGTGCA TTAGCTGAAA TATACGGCGA CATCCACGCA 660  
 50 GAACCATTTA AAGATGGTAA AGTGA CTGAC CAAGAACTA TGGATAAAGA ATTACAATCG 720

TATCCAGAAG CAGACCCACA ACCCGGAGAC ATAGTACAAA TAAAATCTAC CAAACTAGGT 840  
 TTGAATGATT TAGTCCGTAT AGTACAAGTT AAAACGATTA GGGGTATAAA CAATGTAATT 900  
 5 GTTAAGCAAG ATGTAACGCT TGGTGAGTTT AATCGAGAAC AACGATATAT GAAAAAAGTT 960  
 AATACTGCAG CTAACATATGT TTCTGGATTA AATGATGTTA ACCTTTCTAA TCCTAGTAAA 1020  
 GCGGCAGAAA ACTTGAAGTC TAAAGTAGCG TCAATAGCTA AATCAACACT CGATTTGATG 1080  
 10 AGTAGAACTG ATTTGATTGA AGATAAACAA CAGAAGGTAA GCTCTAAAAC TGTGACTACA 1140  
 TCTGACGGCA CTATCGTTCA TGATTTTATA GATAAATCmA ACATTAAaGA TGTAAAaMCG 1200  
 aTTGGAACGa TTGGCGATeC TGTAGCTAGA GGATCACATG 1240

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 494:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1311 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 494:

ACGGTGGATT TAGCCTAGAA GATTTAACGC ATCAAGGTAA ATTaTCAGCA TTTAGCTTTA 60  
 ATGATCAAaC AGGTCAAGCA ACATTGATTA CTAATGAAGA TGAAAACCTC GTAAAAGATG 120  
 30 AGCAACGTGC TGGCGTAGAT GCAAATTATT ACGCTAAACA AACATATGAT TATTACAAAG 180  
 ACACATTTGG TCGTGAATCA TATGaCAACC AAGGTAGTCC AATTGTTTCA TTAACGCATG 240  
 TTAATAACTA CGGTGGTCAA GATAACAGAA ATAATGCCGC ATGGATCGGT GACAAAATGA 300  
 35 TCTATGGTGA TGGTGATGGT CGCACATTCA CAAGTTTATC GGGTGCAAAT GACGTAGTAG 360  
 CACACGAATT aACACACGGT GTGACACAAG AGACAGCGAA CTTAGAATAT AAGGACCAGT 420  
 CAGGCGCTCT AAATGAAAGC TTTTCAGATG TTTTGGATA CTTTGTAGAT GACGAGGATT 480  
 40 TCTTAATGGG TGAAGATGTC TACACACCTG GAAAAGAGGG AGACGCTTTA CGCAGCATGT 540  
 CAAACCCAGA ACAATTTGGT CAACCAGCTC ATATGAAAGA CTATGTATTC ACTGAAAAG 600  
 ATAATGGTGG CGTACATACG AATTCTGGAA TTCCAAATAA AGCAGCTTAT AACGTGATTC 660  
 45 AAGCAATAGG GAAATCTAAA TCAGAACAAA TTTACTACCG AGCATTAACG GAATACTTAA 720  
 CAAGTAATTC AAACCTTCAA GATTGTAAAG ATGCATTATA CCAAGCGGCT AAAGATTTAT 780  
 ATGACgAGCA AACAGCTGAA CAGGTGTATG AAGCATGGAA TGAAGTAGGC GTGGAGTAAA 840  
 50 AATATATAAA CaAGAAGAAG TAATGTTAAA CACTTATAAA TAATTAAATT TTAAATACAG 900

ATTAGATGAG AGGAGTGTGA GGGTTGTCTG CCGAAAGACT ACTCGGCAGT CTAAAATCAT 1020  
TACAAGTAGT AGATATGTGA TAATTAAATG CTGACTTAGA ATACAAAATT CATTTTAAAA 1080  
5 GTTGTACAA AAAATTTACA TGTATTTTTA TTATCTTTTG CAAAACAAAG TGTAAATTA 1140  
TAAATGA<sub>2</sub>AC ATGCATGAAT TTATTTTFTA ATACAAGAAA CGTAACTACC AAAGGAGTTT 1200  
ACAATATGAA GAAAAGTAAA CGATTAGAAA TTGTTTCTAC AATAGTTAAA AAGCATAAGA 1260  
10 TTTATAAAAA AGAACAAATc ATTTTCATATA TTGAAGAATA TTTTGGTGTA A 1311

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 495:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1761 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 495:

TGCACTTTCT AAAAATACTT GCTTTACTTG TTCCAATTCC TTGTCAGACA TTGATTCGGC 60  
25 TAATTTATTC ATTATTGCCT CAAATACGTT AATTATGTCA TCCATTTTCAG TACTATAAAA 120  
ATCAAACCAT TTGCCGTAT CTTTTTCTCT ATTAAGCTTA TGATCACTTT GAGAGCGCTT 180  
AGCTAATTCT GCATAAATAT ATGGACAAGG TGCCATTGCA GCAATTGTAT AAATAGCATT 240  
30 TTCACGACTA TGCCTTGGA AATACATATG TTTTATGTAA TGGTCGCCAC TTGGAGGCCA 300  
AACTTTTGTT TTAATGATTT CTTCGTATGA TTCACCAACA ATTTGCGCTA AAATATCATG 360  
CGCAAGTACT TCACCTTCAA CCATAAATTC TATTTGCTCT ACTAAAAATT TTACGTCATT 420  
35 CATGCTATTC ATTTTGGAA TTAACAAAGC ATATAAGTTT GTAAATTCTT TTAAATACGC 480  
AGCATCAGCT TTTAAGTAAT GGCCTAATGC GTCAGcTCCT ATATCTCCGG ATAACATCTT 540  
CTGAATAAAG TCATCCTCAT AAATATCATT AATGATTGGC TTTGCAGCTT GGTACAATTT 600  
40 TTGTGAAAAT TCCATTGTAA AAAATCCTCC CTAAATAAAA AAACACTTC CAACATGAAA 660  
GTAGTTTGAT GGCAATGTTG CTATACTAGC CCCATCACTT CAATAACTAC TTTCCTACGT 720  
TGGTACTAAC CAAATCAGGT CATAAGGGTC TGAACAATTC ATCTCAGCCA TATCATTAGG 780  
45 CTCCCCTAGT AGTTCCTTAG TATTCAATTG CAAATTAATC TTAGCAAACG GTTCAACAT 840  
TTTCAATTAT TGTTGCTCAG TTGTATTATT ATCTTTAAAT AATAATTCTA TAATGACATA 900  
TATTTGCGAA ATAAAAAAC CGGAACATAT CGAGAATTCC CCGATATATT CCAATCTAAA 960  
50 AGTTACTTAT ATAACATTA ATTAGCTATG CATAAATGGC TTATGCAGTA ACCCAATGTC 1020



TTGCTGGTGA TACACCTTTA TATTTAGCAG GTGCTACTGA ATCCCAAGTT GATTGTAAGA 1140  
 ATTGATACTT ACCAGCTGCA CCTGgATGTT GGrTTTACAG CATGAATATT GCCACCTGaT 1200  
 5 TCACGTTGrG CAATTTGTTT TAGATGAGCa TTCACATTIA CTGATGAACC TTCTGATGAT 1260  
 TTTGATyCAG TTGGTGTTC AGTAACTTGT GAATTGTTTG ATGTTGATGC TTGTGGTTGT 1320  
 TGAGTTTGAG CATTTTGTGG TGCTTCAACT TCTTGTGATT GTACTTGATT AGCTTGAACA 1380  
 10 GCTGATGGTG CAACATTATT AGTTGCAGGT GCTTGTGCAC TCATGTCTGC TCCATTAGTA 1440  
 CCTGTTGCAT GGTAATTCCA AGCAAAGTGT GTACCATCTG ATTCAAAGTG ATAAGTAAAC 1500  
 CCTTCATAGT CAAATGTATA ATTATAAGCC CCAGCTTCAA TTGGTTTTTTG ATTTAATGTT 1560  
 15 TGATCATTIG ATTGCGCCAT TTGCCTGAAA GATGCTTTAT TTAAGTCCGC TTCACnTGCA 1620  
 TGGGCTTCGT GGACCTGCAT TTCCTGGCTA CGATTCTTAA ACCTACTGGC nAAnGATGAT 1680  
 20 GCGAGTAAATG TTTTCTTCAT AATCTTAAAA TCCTCCTACA AGTGAATTG TGTCTCTAAA 1740  
 AGTTTTACAG TGGACGACTG T 1761

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 496:

25 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 794 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 496:

TCATTTATGA AAAATGTCGG AnAGAnCCaa GaAAmaCAAT TGAgCGTGAA GAAAAAGCAA 60  
 35 GACTTAAAGA AGAACAAAAG GCACGTCAAA ATGAACAGCC ACAAATAAAA GATGTGAGTG 120  
 ATTTTACGGA AGTGCCTCAA GAAAGAGATA TTCCAATTTA TGGGCATACT GAAAATGAAA 180  
 GTAAAAGCCA GAGTCAACCA AGTCGAAAAA AACGAGTGTT TGATGCAGAG AATAGTTCGA 240  
 40 ATAACATCGT AAATCATCAT CAAGCAGATC AGCAAGAACA ATTAACAGAA CAAACTCATA 300  
 ACAGTGTTGA AAGTGAAAAC ACTATTGAAG AAGCTGGTGA AGTTACGAAT GTATCGTATG 360  
 TTGTTCCACC GTTAACTTTA CTTAATCAAC CTGCAAAACA AAAAGCAACA TCTAAAGCTG 420  
 45 AAGTGCAACG TAAAGGACAA GTACTAGAGA ATACATTAAA AGATTTTGGG GTAAATGCAA 480  
 AAGTGACACA AATTAAAATT GGTCCTGCAG TAACTCAATA TGAAATTCAA CCAGCTCAAG 540  
 GGGTTAAAGT GAGTAAAATT GTAAACTTGC ATAATGATAT TGCATTAGCT TTAGCAGCAA 600  
 50 AAGATGTTAG AATCGAAGCG CCAATACCTG GTCGTTCTGC AGTAGGTATT GAAGTGCCAA 660

55

ATAAACTAGA AGTTGGATTA GGaAGAGATA TATCAGGTGA TCCAATTACT GTTCCACTAA 780  
 ATGAAATGCC ACAC 794

5 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 497:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1161 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 497:

15 AGCCAGTTTT GcATTTCGTC AAATCGCAAT GAATATATTG ATTGCTTGTC AAAATTTGGA 60  
 AGAAATTTAT TCTTCTTTTT CTTTTCAGCA GTTATCATTC CTAATTGTCC TTTCTTTTAA 120  
 TCTTAGTGAT AAAGAATCCA TCTGAATTAA AGTCTTGCGG CATGATTGT AACGTTTGA 180  
 20 CCAACTCTCC AGTTATCGGA TGTGAAACG GTTCAAATTC GAAGTTTTTA TTATTTTCA 240  
 AAAACGTATA AATCACGTTT TCATTTTCTA GTTGCTCAAT TGTACATGTT GAATAGATGA 300  
 TTTCTCCACC TATTTTACAA TTGTTTTTAA CATTTCCTAA TATTTCAGC TGTAATTCAA 360  
 25 CTAGTGACTC AATATGTTGT TTGCTTTGAG TATACTTAAT CTCCGGCTTA TGTCTCATT 420  
 CACCTAATCC GCTACATGGT GCATCAACAA GTATCTTATC GTATGTTTTA TCATAAGGTT 480  
 30 TTGTCGCATC ATGTTGAAAA GCTTTAATAT TTGTTAATCG TAATTnTTTT ATATTAAAAT 540  
 TAATTAAGTC TATTTTGTGA TCATGTATAT CTGAAGCGTC AACTTGCCCT TCTGGCATT 600  
 AAACCTCAGC AATGTGACAA GCTTTACCGC CAGGTGCACT ACATGCATCT AATACGTGAT 660  
 35 CATGTCGGTC TACATTCATA ATGTGTGCAa CAAACATTGA GCTTTTATCT TGAATTGAAA 720  
 CGAATCCATC TTAAATGAA CGAGAATGAA TAATTGGTTG TCCTCCTATA TGGAGACAAT 780  
 AAGGTAAGTC ATGATCTTTT TCAACGTCAT AACCTTCGTC TTGCAACTTT TCAATAATAT 840  
 40 CATCTAATGA TGCTCGCGTC AGGTTGGCAC GCACAGTTGT TGATGTCGTT TCTAAAAATG 900  
 ACTGTAAAAT TTTTTCAGTT TCTTCGAGAC CATAATGTGT TGCCCAATGA TCTATAATCC 960  
 ACTTCGGCAT ACTATACTCG ATTGCCATTC TTTTTTTAGG ATCTGCAATT TCATTAAAAT 1020  
 45 CAGGTAAGTC ACTACGCATC ATTGTACGTA AAATACCATT TACGACATTA CCATTATGAT 1080  
 AGCCACCGCG TTCTTTTGCT ATTCAACTG CTTCAATTAAT AATGGCATGA TTTGGAAGTT 1140  
 TATCTAnATA nACATATTGA T 1161

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 498:

55

(A) LENGTH: 1504 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 498:

10	AGCTCACGTC ATCTTCGGCG GCGCTAAATT AAAATAATCA ATTTCTGAGT TAAACTTTTA	60
	TTTACAACAT ACTATTACTA TACATTACAA ATTTTAAAA TATACATTAC ACTCATTACT	120
	CAATGGmAAG CGTATGATTT CmCAGCCCCC CTAGCTTGTA GAAATCATAC TTTCCTTTTT	180
15	TCAATATATA TACAACATTT AAATCCCATA AGATTGCAGA GCACATAAGT AAATTTTTTTT	240
	AGAGCTTGAG GTTTGTTTAG CTTAAGCAAC CCATGAGCTC AAACACTTCC TGTTACATA	300
	ACACTACAAA TCGCATTATG TTGCTTAATC TTATGTTTAT ATAAATTACA CACAATAAAT	360
20	AGAAAGAATG TGAACATCAT GAATAAATTA TTGCTACTCG TTACATTTAT CATTCTGTGTG	420
	GGTTCAGGTA TTGTTATGTT AATGCAAGGC TACGAAAAAT TAACGGGCGG ATTTACGCTG	480
	AAAGGTTTAG TACCAGTCAT CGCTAACAAT ACTGATTCAC CAGAGTGGTA TAAGTGGTTT	540
25	TTGCGAAATA TAGTTGCACA TACGACGTCA TTATTTGATA TTGTTGTCCC ACTCGGAGAG	600
	ATTGCAATTG GATTAGGTTT AATTTTTGGA GTTTTTGCAT ATGCTGCTAG TTTCTTTGGA	660
30	GCCTTTGTTA TGATAAATTA TATCTTAGCA GATATGATAT TTACGTATCC TCTTCAATTA	720
	ACTTTCTTTA TCCTTTTACT AATGAGTCAC TCATTGTAA AACAGATTTC ACTTAAAGAA	780
	ATCATTAAAT ACTTTAGAGG TCGTAAGAAC AGAGGTGAAA AAATAGATGA CCCACTTACT	840
35	GATCGTGGAT GATGAACAAG ACATTGTAGA CATTTGTCAA ACCTATTTTG AATATGAAGG	900
	TTACAAAGTA ACAACGACAA CTAGCGGTAA AGAAGCAATT TCTTTACTAT CAAATGATAT	960
	TGATATCATG GTACTTGATA TCATGATGCC AGAAGTTAAT GGTTACGACA TTGTCAAAGA	1020
40	AATGAAAAGG CAAAATTAG ATATCCCCTT TATCTATTTA ACTGCCAAAA CACAAGAACA	1080
	TGATACCATT TACGCCTTAA CTTTAGGTGC AGATGACTAT GTCAAAAAC CATTTAGTCC	1140
	AAGGGAAGTC GTTTTACGTA TTAATAATTT ACTTACAAGA ATGAAGAAAT ACCATCATCA	1200
45	ACCAGTTGAA CAACTGTCGT TTGATGAATT AACACTTATT AACTTAAGTA AAGTtGTGaC	1260
	tGTAAaTGGT CACGAaGTCC CTATGCGTAT TAAGGAATTT GAGTTATTGT GGTATTTAGC	1320
50	TTCTAGAGAA AATGAAGTTA TTCTAAATC AGAATTACTT GAAAAAGTTT GGGGATATGA	1380
	CTATTACGAA GATGCTAATA CCGTGAATGT CCATATACAC CGTATTAGAG AnAAATTAGA	1440
	AAAAGAGAGC TTTACAACAT ATACCATCAC AACTGTATGG GGATTAGGAT ATAAATnTGA	1500

55

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 499:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1623 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 499:

ATTGAAAGCG ATAATTCGTA nTAATTGAGT TTGTTGAAAA ATTTAGGGTA ATGTAAAGAT	60
ATAAAAGATA CATAGATyTGG AGAGATATAA AGATGTTGAA TGAGATACAA ATATTAAaATA	120
aTGGATACCC GATGCCTTCA GTTGGGTTAG GTGTTTATAA AATCTCTGAC GAAGATATGA	180
CTAAAGTTGT AAATGCTGCA ATTGACGCAG GCTATAGAGC GTTTGATACA GCATACTTTT	240
ATGATAATGA GGCTTCACTA GGACGAGCAT TAAAGGATAA TGGCGTCGAT AGAGAAGATT	300
TGTTTATAAC AACGAAGTTA TGGAATGACT ATCAAGGTTA TGAGAAAACA TTCGAATATT	360
TCAACAAATC GATTGAAAAT TTACAAACTG ATTATCTTGA TTTATTTCTA ATACATTGGC	420
CTTGTGAAGC AGATGGTCTA TTTTtagAAA CATATAAAGC TATGGAAGAA CTTTACGAGC	480
AAGGTAAGGT AAAAGCAATA GGTGTATGTA ATTTTAATGT TCATCATCTA GAAAAATTAA	540
TGGCTCAATC AAGTATCAAA CCAATGGTGA ATCAAATTGA GGTACATCCA TATTTTAACC	600
AACAAGAATT ACAAGAATTT TGTGATCGTC ACGATATTAA AGTGACTGCA TGGATGCCTT	660
TGATGAGAAA TAGAGGACTA CTAGACGACC CTGTCATTGT TAAAATTGCT GAAAAATATC	720
ATAAACACC AGCACAAGTT GTATTACGTT GGCATTTAGC ACACAATAGA ATTATTATTC	780
CAAAATCTCA GACACCTAAA CGCATTCAAG AAAATATAGA TATTTTAGAT TTTAATTTAG	840
AATTAACAGA AGTAGCTGAA ATTGATGCTT TAAATAGAAA TGCAAGACAA GGTA AAAATC	900
CAGATGATGT GAAAATTGGG GATTTAAAAT AACTGGATGT TAAATTTTAC GTTTATGAAT	960
GCCTTTTAAT GTGTACATTA AAATAAATGA GTTGGTTTTT ACTATTTGAT AAAACAATAC	1020
TCAGGTACAT TCAAAATCTT TTAAATAAAA AGGATGGACA TAGATGAAAA TTAGAGTCGT	1080
CATTCCTTGT TTTAATGAAG GGGAAGTCAT TACACAAACA CATCAACAAT TAACTGAAAT	1140
ACTTTCACAA GATAGTAGTG TGAAAGGCTA TGATTATAAT ATGCTTTTCA TAGATGATGG	1200
TAGTACGGAT ACCACTATAG ATGAAATGCA ACATCTTGCC ACAATAGATA GGCATGTCAG	1260
CTTTATTTCT TTTAGTAGAA ATTTTGGAAG AGAAGCAGCT ATGATTGCAG GTTACCAGCA	1320
TAGTACTGAA TTTGATGCAG TCATCATGAT AGATTGTGAT TTGCAACATC CACCTGAATA	1380

TAGAAGTGGT GAAAATTTTA GTCGCAAAAC ATTAAGCCAT TTGTATTATA AGTTAGTTAA 1500  
 TTGCTTTGTA GAAGAAGTAC AATTGATGA TGGTGTGGT GATTTTAGAC TTTTAAGCCA 1560  
 5 AAGAGCTGTT AAATCCATTG CATCACTTGA AGAATATAAT CGnTTTTCAA AAnGGnTATT 1620  
 TGA 1623

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 500:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 605 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 15 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 500:

20 AAAGTnGGTG AAnCTATATA CTTAATCTAT ATTTATATAT TAACCATTAG GGTAAAAAAT 60  
 TACTCTAGCA TTTATGAATA GATGGGAGTT TATTTTATTA TTATATAGGA GAGATGTTGA 120  
 ATGACACATC GCGCACTATT AGTTGTTGAC TATTCATATG ACTTTATCGC AGACGACGGC 180  
 25 TTACTAACAT GCGGTAAACC TGGACAAAAT ATTGAAGATT TTATTGTTTC TCGTATCAAT 240  
 GACTTTAATT ATTATCAAGA CCATATATTC TTTTTrTGG ATTTACATTA TTTACATGAC 300  
 ATTCATCATC CTGAAAGTAA ATTATTCCCA CCACACAATA TCGTAGATAC AAGTGGTAGA 360  
 30 GAATTATACG GTAAAGTAGG TAAATTATAC GAAACAATTA AAGCGCAACC TAATGTACAT 420  
 TTCATTGATA AAACGCGCTA TGATTCGTTC TTTGGTACCC CGCTTGATAG TTTATTGAGa 480  
 GAAAGAAGTA TTAATCAAGT CGAAATCGTT GGTGTATGTA CCGATATTTG CGTGTTACAT 540  
 35 ACAGCAATTT CTGCATACAA CTTAGGtTAT AAAATTTTcAG TACCTGCTGA GGGAGTGGCT 600  
 CATTT 605

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 501:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1739 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 45 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 501:

50 TAGGTTnAAA GCATAGnTTT nTCAAAAAGA CAAATCATTC ATATATTGGA GGATATTTTG 60  
 GTGTAAGATA TAGTGCAACC ACAATTGCTA AAGACTTGAA GGAACATAAT ATATATCGTG 120



	TGAGAGAAAA GTTTAGACAC TATTGTGAAC ATGAAGTTCT AAGTTCAATC ATCAATGGTT	240
	CATACATTAT CGTCAAAACC TCACCTGGTT TCGCCCAAGG CATAAACTAT TTTATCGATC	300
5	AGCTAAATAT AGAAGAGATA TTAGGTACGG TGAGTGGAAA TGACACTACA TTAATCTTAA	360
	CTGCCTCAAA TGATATGGCA GAATACGTAT ATGCAAAATT ATTTAAATAG ACATGTATCA	420
	AATGAATAAT AAAAATTTGT TTCGTATCAC GTGTACTCAA GTTAGTTACC AAATATTAAAC	480
10	TTGTGTACGC GTTTTTTTTAT GGAAAGAAAG AATTCATAGT CATTCAATTG ACTGTATAAA	540
	AAACTTTATA CAACATGTTT TTATGGGTAT TTTTGAATAA AAAATGTATA TTTTGACCCA	600
	AAATACCTTT ATTTATGTAT AAAAATCCAT TATTATGTAT TGTATAACAA AAAGATATGA	660
15	AATTTTCGAC TTTCTTTATG TGAATATAAT CACATGTAAG CGTTTGAAGA TTGTCTATAC	720
	TCTAAATGAA TTCAAAGATA AAAGGAGGAA ATAGACATGA CAGATGGTCC AATTAAAGTA	780
20	AATAGCGAAA TTGGAGCITT AAAAAGTGTG TTAAGTTAAGC GTCCTGGAAA AGAATTAGAA	840
	AATTTAGTAC CTGATTATTT AGATGGATTA CTATTTGATG ATATTCCATA TTTAGAAGTA	900
	GCTCAAAAAG AGCATGACCA TTTTGCGCAG GTGCTAAGAG AAGAGGGTGT TGAAGTACTT	960
25	TACCTTGAGA AGTTAGCAGC TGAAAGTATT GAAAATCCTC AAGTAAGAAG TGAATTTATT	1020
	GATGATGTAT TAGCAGAGTC TAAAAAACA ATATTAGGTC ATGAAGAAGA AATTAAGGCA	1080
	TTATTTGCGA CACTTTCTAA TCAAGAACTT GTAGATAAAA TAATGTCAGG GGTACGTAAG	1140
30	GAAGAAATTA ATCCGAAATG TACACATCTA GTAGAGTATA TGGATGATAA GTATCCATTC	1200
	TATTTAGATC CAATGCCAAA CCTTTATTTT ACTAGAGATC CACAAGCCTC AATAGGACAC	1260
	GGTATAACAA TCAATCGGAT GTTCTGGAGA GCACGACGAC GAGAATCAAT ATTTATTCAA	1320
35	TATATTGTAA AGCATCATCC TAGATTTAAA GATGCGAATA TTCCAATCTG GTTAGATCGA	1380
	GATTGCCCAT TCAATATTGA AGGCGGCGAT GAACTTGTTT TATCTAAAGA TGTCTTGGCT	1440
40	ATAGGCGTTT CAGAACGTAC ATCTGCACAA GCTATTGAAA AGTTAGCGCG ACGTATTTTTT	1500
	GAAAATCCGC AGGCGACGTT TAAAAAGTA GTAGCAATTG AAATTCCAAC TAGTCGAACT	1560
	TTTATGCACT TAGATACAGT ATTTACAATG ATAGATTATG ACAAATTTAC AATGCATTCA	1620
45	GCCATTTTAA AGGCAGAAGG CaATATGAAT ATATTTATTA TTGAATATGA TGACGTAAAT	1680
	AAAGATATTG CCATCAAACA ATCTAGTCnT TTAAAAGATA CTTTAGAAGA CGTACTAGG	1739

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 502:

- 50 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1745 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double

55

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 502:

5	CTGTACATAC AGCAATATCG TTAACAAATG AAAACAGTAT TTTAGGATTG TAAACCATGA	60
	TAAACCTAAA ATACTGTTAT TTTTATTACT TAAATTTCTT CTTCAATGCC TTTTCAACAT	120
	AAGGTGGAAC GAATTCAGAA ATATCTGCTC GATAAGCTGC AACTTCTTTA ACAATACTTG	180
10	AACTTATAAA TGAATAATTA GTACTAGACA TCATATATAA CGTTTCAATT TCATTGTTCA	240
	ACTTTTTTATT CATTGAAGTT AAGCGTAATT CATATTCAAA ATCACTGACT GCTCTTAAAC	300
	CACGTATGAT TGTTTTAGCT CCTACTTGTT CACAATAATC GACTAGTAAA CCACTAAATT	360
15	GATGAACCTT GACATTAGGT AAATGTTTAA CAGATTGTTT AATTAAATCC ATACGCTCTT	420
	CTAAACTAAA CGTACCTTCT TTTTACTAT TTTTAAGAAC ACAGACATGA ATTCATCAA	480
20	ATCTATCTGT ACTTCTCTCA ATAATGTCTA AATGACCATA AGTAATGGGG TCAAAACTAC	540
	CCGGAATGAC CGCTATTGTA TGTTCCATGC TATTCTCCCT TTTCTAATAA CAATGTGTCT	600
	GTCAACCCAT AATGGTAACG TTTAATCATA TTAAACGGTT GATAATCTAT TTCTTCATGA	660
25	TTGCTAAATT CACAAACGAT GATACCATTT TCTTTCAATA AATTAAACTC TGAAATTAGT	720
	TTTAAAGCTT TATCAATGAG ACCTTTATTA TAAGGTGGAT CTAAGAAAAT GACATCAAAT	780
	TGAATATCAC GTTTTGACAA TGCTTTTAAA GCTCTATCTG CATTATTTTT ATAACTTCA	840
30	GATTGTGCCT CTAAATCCAA ATTCGCAAGA TTTGaTTTAA TAACTTTTAC AGCTTTAAAA	900
	TTTTGaTCAA CAAAGATTAC CTTATCCATA CCTCGAGAGA GTGcTTCTAT TCCAAGCGCC	960
	CCGCTTCCTG CAAATAAATC TAAACCTATA CCTGACACAT CATATAAACT ATTAAAGATA	1020
35	CCTTCTTTAA CTTTATCCAT AGTTGGTCTC GTATTACGGC CTTCCATACT TTCTAAAGCT	1080
	TTACTTTTAT GTTTACCTGC AATGACGCGC ATGTTGTTCA CACTTCCAAT TCATTTAGTT	1140
40	ATTTAATATA ATTTATTGAG AAAAAGGAGA ATGATAAACC AATGAAACAA ACATTTATTA	1200
	CACTTGGTGA AGGTCTAACA GATTTGTTTCG AATTCATGAC GATGATTGAA TATAACCATC	1260
	AACGTATTGA TAAAATTATC TATTTTCATT CACCACAAGC TGAAAATAAA AAGTCATCTG	1320
45	TAGCAATCAT TATGAACCCT ACAACTGGCA ATCATTTCCA AGCATTTTAT ATCATGATAA	1380
	ACGCTATTAA ATATCCATAT CCAGATTCAA ATAAAAAGTT TCAAATGATA AATGATTGTG	1440
	CTGAAAAATT CGACATACCA ATTTTAGGTA TCGATGTACA GCCCCCTCAA GCATTTTCATG	1500
50	ATTTATCGTT ATATTATAAT TATTTAATTA GTGTGTTAAG GCTCCAAAAA TGGATACCAG	1560
	aACTTCAATA ATATTAATTA TATATTTTCGT GTTCTCTTTT TTCGTAAGTT TTCTTTAAGT	1620

55

TTTGATCAAC ATCTTGCTCA TTCACATACA TAATTACAAA TTTACGATCT CTATTTGAAT 1740  
GAACG 1745

5

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 503:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1035 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

10

15

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 503:

TCGTCTTTAA TCTTGCTGAC TTTAGAAGGC TTACGAGTGC GGTTACCATT TTTTGCATCT 60  
TTAACTGATT GAACTAAAGC TtGACGTGTA GATTTATCAG CTAAACTAAT TGCACCACCA 120  
ATTACGGCAC CAATTAAAAT ACCAGGAACA AATTTATTTT CCATAAAAAA CTACCCCTCT 180  
TTCAAATTIG CATCTTTTAC GATGTAGTCT ATTAAATTAT CACAAGATGA TAATACCATG 240  
TCGTATACAC CTTCAAATTT ATTCTGTAG TATGGATCTG GTACATCACT CTCTTCCATA 300  
TTACTAAATT CTAACAGTTT GAACAATTGT CCCTTAAGAT TAGGATTGAT AGATTTAATA 360  
TTATCAACGT TACTTTGATC CATAGCCACA ATGTAATCAA AATCATCTGT CGCTTCGAAT 420  
AATTCATAA TCATGCCATC AAATGGAATA TTGTGTTTGT TGAGAATTTT TTGTGTACCT 480  
TCATGAGGTG GCTCTCCTAA ATTCCAGCTA CCAGTACCTC TTGAATGTAC TTTAATATCA 540  
TGAATATTTT TGTCTTTAAG TCTTTGTCGC ATGATTGCTT CTGCCATTGG AGAACGACAT 600  
ATATTGCCAA GACAGACAAA TGCTACATCT ACCATTTTGA TTCCTCCAAA CTATGTAGTT 660  
ATATCCCCAT TTTATAGCGA CTTTAAACAA TAAGAAAGCA GATTATATAA AATTCTATTA 720  
AAGTTTATTA AATTGTGATA CTTTGATAAC ATAACATTA TTAGAGGTGA ACATTGTGGC 780  
TATGACAAAT GAAGAGAAAG TnTTAGCTAT TAGAGAGAAG TTAAATATtG TTAATCAAGG 840  
ATTATTAGAT CCTGAAAAAT ATAAAAATGC AAATGaAGAA GAATTAACAG ATATATATGA 900  
TTTTGkTcA yCAAGAGaAA GATTGTCGCC AAGTGaAGTG mCAGCTATTG CTGaCGCTTT 960  
AGGACAATTG CGACACGAAT AGGAGTGGGA ATTTTGACTA ATTACAAAGA AAAGTTACAA 1020  
CAATACGCTG AACTA 1035

50

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 504:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1284 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

55

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 504:

5      AnCCTGACAA GATTCTTATA TTCATAGATA TGAGAGCTAA AAATGAAATC AACAAACAnA      60  
       CAATAAAGTA AACGATAATA GCCCATATAC CATTTTGTAA CCATATTACA AATTGTGTTG      120  
       TATTATAGCC ATTTCCAGCT AATAATTGCT GGATAAATGC ATTATTGTTT AATGTATTTT      180  
 10     CAAGATTAGC AAtCGATGTG TTATTACTGA ATGAAACAAG TGCTATAAAC ATCGTAATGA      240  
       CAGTAAGCAC TAATAACATC ACCCAACATA ACCAACCTAG AACTTTTTTCA GTTAATCTAC      300  
       TTACTGGACG TTTAATTTGA GTAAATTGTT CTCCAGTCAT TCGTTACAAC TCCTTATAGT      360  
 15     ACTTATCCCG TTATTATAAC TAAATATACA GTAAATAACT ACTATTTATG ATTTTATTTT      420  
       AATGACATTT TGAAATTCAA AAAGTTTTTCA TTGTATTCAC TTAAAACTTC AGGTCCTAAA      480  
       TCTTTATAAA CTTCAAGGCG TTCTTGCTCT TTCTTAGTCG GATAAAAACG ATGGTCGTCT      540  
       TTAATCTCTT TAGGCAACAA TTGTCGAGCA GCCTTGTTTG GCGTTGCATA GCCTACGAAT      600  
       TCTGTATTTT GCTTGTTATT TTTAGCATCT AATAAAAAAT TCATAAATT ATATGCACCC      660  
 25     TCTTTATTTT GTGCCGTTTT TGGAATTACC ATATTGTCGA ACCATAAATT CGATCCTTCT      720  
       TTAGGAATAA CATAATTATA TTTATCCCCT TCTTGCACTA GAGGTGCTGC AACACCACTC      780  
       CAAACAACCG CTATGTTACC TTCATTTTGT TGAAGCATCA TGGTAATTC ATCACCTACG      840  
 30     ACACCTCTTA CTTGTGGTGC TAGTTTGGTT AAATCTCGCT CTGCTTCTTT TAAATGGTGC      900  
       GAATTACGGT CATTAAGATT ATACCCAAGT TTATTCAAAC TCATGCCTAT AATCTCTCTA      960  
       GCACCGTCAA CTAGTAAAAT TTGGTTTTTA AATTTAGGAT TATACAATGA CTTCCAAC TA      1020  
 35     TCAAATGATT CATTTGGATA CTTTCTTTTA TTATATAAAA TACCTACAGT TCCAAAGAAA      1080  
       TAAGGTAAAG AATATTTATT GCCTCTATCA AATGACATAT TCATATAATC TGAATCTAAA      1140  
       TTTTTAATAT TAGGTACCTT ATTATGATCT ATTGGTAACA ATAAATGATC TCTTTTCAAT      1200  
 40     TTTTGAAC TG nATATTC ACT AGGAnAAGCA ACATCATAAT GTGTACCGCC AGTGCGAATT      1260  
       TTGGnGTCCA nCGCTTCATT TGAA      1284

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 505:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
       (A) LENGTH: 5763 base pairs  
       (B) TYPE: nucleic acid  
 50       (C) STRANDEDNESS: double  
       (D) TOPOLOGY: linear

55

	ATAATTAACA TCTTTTGCTA TATACCACCA GTTTGATACA TAAAATATCG CAGCAATAAT	60
	ATCATGTTTA ACCCTAATGA TATTATCTGA TTTTAATAAT AAGGTTGCTG TCCCTACAAC	120
5	CATTAATAAA ACTATGACTG CTGGTAATAA ACGTTTAA CGACGTATCC AAAAGCTTTT	180
	CAATTTAATG ATACCTGTGT CATCATACTC TTTGAGTAAT AAGCTTGTA TTAATAACC	240
10	AGAGATCACA AAAAATGTAT CCACACCTAA AAAGCCACCT GtCAACCATT GCTTATTTAA	300
	GTGGTAAATA ATAATTCCTA GAACAGCGaT TGCCCTCAAA CCATCGAGCC CTGGAATATA	360
	TCTCATTTTC TTATACTTTG TAAAACCCTT TGTTTTGTTC ATTTTTCAT TCTCCCTTT	420
15	TAAACTGTT CTTCTTAGAT GCTTAATTAA ATTTAGTTAT GCTGTTTAA AGAATATTGA	480
	AATGCATATG TATATTATTG AATTACGACA TCATCAAAAT CATATTGACT AAAATACTGT	540
	TAAATTAAAA AAATTACCAA TGATGATTCT TACTTCGAAA TCCAATTTGT AATGCAACTC	600
20	GGCAACTTAA AAATATGAA GTATTATGTA TTGTAATATA ACTGTAATAT AAATTCAATT	660
	TATTATAAAA ATTTTCAAGA AAATATTCAA CTAGAAAATG AATTGTGCAC TCTTGAAGT	720
	GCAAGTCACT GTCTTAATTC ATATTTTTTG AAACAAGTTA GATATAAATT TTCAAAATAA	780
25	AATCAGAAAC TAGAACATAA ATAAGGCTCC CTTCAAAATT TTCATTTTTC AATGTCTACT	840
	TTGAAGGGAG CTTATTCACA ATGAATTATA CTCTACAATG TTATATTGAC TGCGGGCCCA	900
30	AACACAGAGA ATTTTCGAAAA GAAATTCTAC AGGCAATGCA AGTTTATGTT AGCTCACACC	960
	AAGTGCAATC TTAGCGTAAC GTGACATCAT ATCTTTTGTC CAAGGTGGAC TCCATACGAT	1020
	ATTCACTTCA GTATCCTGAA TTTCAGGAAT CTCTGCTAAT ACTGTTTTAA CTTGaTCAAT	1080
35	AATTTGAGGT CCCATTGGAC ATCCCATTGA TGTTAAAGTC ATATCAACTG TACATACGCC	1140
	TTCATCATCA ACATTCACTT TGTATACTAA ACCCAAATTA ACGATATCAA TTCCTAATTC	1200
	AGGGTCAATT ACCATTTCTA ATGCACCTAA GATACTATCT TTCAATGCCT CTTCCATCCA	1260
40	TATCACCTCT TTAATGTCAT ATTATTCATA ATATATCAA TATCCGACAA AACGCCAATA	1320
	AAATGCTATG ATGTATCTAT ATGAACTAAG CAACTTATGA GGAGAGAGAT ATGCAACCAC	1380
	ATTTAATATG TCTAGACTTA GACGGAACAT TATTAAACGA TAACAAAGAA ATTTTCATCAT	1440
45	ATACTAAACA AGTATTAAAT GAATTACAAC AACGTGGaCA CCAATTATG ATTGCGACTG	1500
	GCAGACCTTA TCGTGCAAGT CAAATGTATT ATCATGAATT AAATTTAACG ACACCAATTG	1560
50	TTAATTTTAA TGGCGCTTAC GTACATCACC CTAAAGATAA AAACCTTCAA ACTTGCCATG	1620
	AAATTTTAGA TTTAGGCATC GCACAAAACA TTATTCAAGG ATTACAACAA TATCAAGTAT	1680
	CGAATATTAT AGCAGAAGTG AAAGATTATG TTTTCATTAA CAATCATGAT CCAAGATTAT	1740

55



	AAGAATCCCC TACCTCAATT TTAATTGAAG CCGAAGAAAG TAAAATACCT GAAATCAAAA	1860
	ATATGCTTAC TCATTTTTAT GCCGATCATA TTGAGCATCG ACGCTGGGGC GCACCATTCC	1920
5	CTGTCATTGA AATTGTAAAA CTTGGTATTA ATAAAGCAAG AGGCATTGAG CAAGTTAGAC	1980
	AATTTTTAAA TATTGACCGA AATAATATTA TTGCATTCGG TGATGAAGAT AATGATATTG	2040
10	AAATGATTGA GTACGCGCGT CACGGTGTG CTATGGAAAA TGGTTTGCAA GAACTTAAAG	2100
	ATGTAGCGAA CAATATTACA TTCAACAATA ATGAAGATGG CATTGGTCGA TATTTGAATG	2160
	ATTTCTTTAA TTTAAATATT AGATATTACT GTTAATTTAT AACTAATCAT TTTATAATAT	2220
15	TTTAAAACAA TAGGAGGTAA GTTACGATGC CCAAATAGT CGTAGTCGGA GCAGTCGCTG	2280
	GCGGTGCAAC ATGTGCCAGC CAAATTCGAC GTTTAGATAA AGAAAGTGAC ATTATTATTT	2340
	TTGAAAAGA TCGTGATATG AGCTTTGCTA ATTGTGCATT GCCTTATGTC ATTGGCGAaG	2400
20	TTGTTGAAGA TAGAAGATAT GCTTTAGCGT ATACACCTGA AAAATTTTAT GATAGAAAGC	2460
	AAATTACAGT AAAAAGTTAT CATGAAGTTA TTGCAATCAA TGATGAAAGA CAAACTGTAT	2520
	CTGTATTTAA TAGAAAGACA AACGAACAAT TTGAAGAATC TTACGATAAA CTCATTTTAA	2580
25	GCCCTGGTGC AAGTGCAAAT AGCCTTGGCT TTGAAAGTGA TATTACATTT ACACTTAGAA	2640
	ATTTAGAAGA CACTGATGCT ATCGATCAAT TCATCAAAGC AAATCAAGTT GATAAAGTAT	2700
	TGGTTGTAGG TGCAGGTTAT GTTTCATTAG AAGTTCTTGA AAATCTTTAT GAACGTGGTT	2760
30	TACACCCTAC TTTAATTCAT CGATCTGATA AGATAAATAA ATTAATGGAT GCCGACATGA	2820
	ATCAACCTAT ACTTGATGAA TTAGATAAGC GGGAGATTCC ATACCGTTTA AATGAGGAAA	2880
35	TTAATGCTAT CAATGGAAAT GAAATTACAT TTAAATCAGG AAAAGTTGAA CATTACGATA	2940
	TGATTATTGA AGGTGTCGGT ACTCACCCCA ATTCAAAATT TATCGAAAGT TCAAATATCA	3000
	AACTTGATCG AAAAGGTTTC ATACCGGTAA ACGATAAATT TGAAACAAAT GTTCCAAACA	3060
40	TTTATGCAAT AGGCGATATT GCAACATCAC ATTATCGACA TGTCGATCTA CCGGCTAGTG	3120
	TTCCTTTAGC TTGGGGCGCT CACCGTGCAG CAAGTATTGT TGCCGAACAA ATTGCTGGAA	3180
	ATGACACTAT TGAATTCAAA GGCTTCTTAG GCAACAATAT TGTGAAGTTC TTTGATTATA	3240
45	CATTTGCGAG TGTCGGCGTT AAACCAAACG AACTAAAGCA ATTTGACTAT AAAATGGTAG	3300
	AAGTCACTCA AGGTGCACAC GCGAATTATF ACCCAGGAAA TTCCCCTTTA CACTTAAGAG	3360
	TATATTATGA CACTTCAAAC CGTCAGATTT TAAGAGCAGC TGCAGTAGGA AAAGAAGGTG	3420
50	CAGATAAACG TATTGATGTA CTATCGATGG CAATGATGAA CCAGCTAACT GTAGATGAGT	3480
	TAAGTGAGTT TGAAGTGGCT TATGCACCAC CATATAGCCA CCCTAAAGAT TTAATCAATA	3540
55		

	GTTAGAATTA TGTGACTG GTACTACTAT CCAGTCCATT TTTTATGTTT AACATTTTTA	3660
	GAATCAAAAA AGACATAAGG TCTTGACTA ATAATTGTCC ATGCCTTATG TCATATACTA	3720
5	TATGTCTTAT CAATTAGCCA ATACCGAATA ATTTTGATAT AGG <sub>s</sub> CCTAAC GGTAGAATGA	3780
	CACCTAATAC CATTGTGATG ATAATTAATG CAATTGTTAT CCAAAACATT GTGTGACTTT	3840
10	GTTTCATGTCT CTTTCTTTTA GCAATCGACA CTTCCATCAA TCCAACACT GCAACACCAC	3900
	ACAGCATTTT CAATGTAAGC AACATATGAT TTGCCCCGCC ATTCATAAAT GACTGAATTA	3960
	ATATCCAAAA TCCTGAAATT AACGTCAACA GCATAAATAA GCGTAAATC ATGTGCAACG	4020
15	GTTTGAAAAA TGGTGATCTG CCTTGATTTT TTGAAATGTT TAAGTATGTA GCGATAAATA	4080
	AAATAATCGC TAATACCCAA CTTAATATAT GTAAATGTAA CATACTGATT CCCCCACTT	4140
	TAATTATTTA TATTATTAAA TTAAAGCTTC TTGGGATTAA TACCCACTTG CTTGTAATTT	4200
20	AATCATGATT TGATTATACA CGAATATATA TTCTACCACA CTTCTATATT TGAGAGGAAG	4260
	AACATGACAT TTTATTCCTT ATTAGAATAT TGTGAATCTG CTGTAAAATA ATCAACTACT	4320
	TCTTAATATC AATATTTTAC TTTCATCTCA AAATGGTAAC ATTATAAATA ATTTATCTTT	4380
25	AACACCTTTT TAGAAAAGCA AGAAAAAACT AACCAATCTA TATAAAGACT GGTTAGCTTT	4440
	TTAAATGATA ATTATTTAGC GATATAAGTT GTCAGCGTTC CAATATTATC AATAGTCACT	4500
	TTAACTTCAT CACCTGGTTG TAAAAATTTA GGTGGTTGCA TACCTGCACC AACGCCTGCT	4560
30	GGTGTACCAG TTGCAATAAT ATCTCCCGGA TGTAGTGCAA CATATTTTGA AATTTCTTCT	4620
	ATTAATTCAT CAATTTTAAG AATCATTTTCG CCAGTGTTAC CATCTTGTCT AATTTCAATG	4680
35	TTAACTTTTG TAACAATATT TACATTTTCA GGTAATGGTA GTTCGTCTTT AGTAACGATA	4740
	TAAGGACCCA TTGGGCAACC GCCAGTTAAA CTTTTTGATA AAAATGCTTG ATCTTGTTCA	4800
	CTTTGTGCTT TGCGATCAGT GATATCGTTA ATAATTGTAT AGCCGTAAAC ATAATCTAAA	4860
40	GCTAATGCTT TTGGAATCTT TTCACCAGAC TTACCAATAA CAATACCTAA TTCACCTTCA	4920
	TAATCTAATT GATCAGTAAT ATCTTTATGA TTTGGAATTG TTGCATTATC TCCTGTTAAA	4980
	GATGACGCTG CTTTTGTAAA TACATATAAT TTTCCACTT CATGATTTAA TTCGTTGCA	5040
45	TGATCTTGT AATTTCTACC AAAAGCAATC ACATTATTCG GAGGTGTTAC TGGTGGTAAA	5100
	AATTCAATGT CATTAAATGA AATTTTATAG TCTTCAGCTT TGCCGCTATC TTCTGCTGCT	5160
50	ACAACGCTT TACGTACTTG TTCTTGAAAA TCTAAAGTAT GATTTTGTTG TAAACCAGCT	5220
	AACAATGTTT TAGGATGGAA ATCTCCTTCT GCAAAGTCAG CAAATACTTG TGTTAAATCC	5280
55	CATACAGCAT CTTGCGTTT TACTTTAACG CCATATGAAG TTTTGTCAAT AACTTGAAT	5340

TTCGTTATCA AATAACAAAT AAATAAGTAA GACAATTTTG AAAATGAGTT GTGTTTCATTC 5460  
 TGCTACAAGG ACTTTGCACT TAATCGAAAT TATTTTTTAT TCTTTTGAAA ATCAAAATAC 5520  
 5 TATAGTTGCA ATGTACCAA TTTGAAGAAG TATAAATAAC CTTTAACTTC TTTATTAAGA 5580  
 ATCGTTTGAA GCGTATTTTG ATAATATTTT ATCTGTATCT TATATTTATT TTTTAATTGT 5640  
 GTACCAATTT CTTTCATCTGT CATCCACGG CGACGATTAA ATGCATCGGT TTTATAGTCT 5700  
 10 ACAAATAAT GCACACCATC TTAAACAAAG ATTAAGTCAA TCATACCTTG AATAATTGAG 5760  
 ACG 5763

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 506:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 422 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 506:

25 CCATATGATT TTGTGCAATA ACTCTTTTTC TTTCTTCTTT TCGTAAAAAG TTGTACATCG 60  
 CTTTGTGTT TAAGAGACTA TTGTTTCTT TAGGTTTTTG AACTTCACTC AGTGTATTTC 120  
 TAGTTGTAA CACTAAAATT CCAACTGTTG TATCTTTGTA TCTAGCCATA ACTTTATTCA 180  
 30 GATGTTTGTC ATTTGTAATA ACTACGACAT AATTAAACAC TTCATAATAA TCATTAATTT 240  
 GATTATCTAA TCTATCCAGC TTATCTAATT CTGTTTTAAT CTCATAGACA ACGCCTTTGC 300  
 CGTTTAACAA TATAAAATCA GCaATACTTT TCCCTATGGG CATCTCAGAA AGTGCAGTAG 360  
 35 TTGTATTAAAT AGAATGTCGT CCTAGAAGGA GTkTATTAAG TATnGTGTTT TTGTAAAAAT 420  
 AT 422

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 507:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1188 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 45 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 507:

50 GCTTATGTAT TCTCAAAATA TTTATGTGAT ACGCAAAGGA GACATGGTTA TTCGACCAGC 60  
 ATTTGATGAT GACGATCAA GAAACGGTAG TGAAATAATT CGGTTTGACA AAACGCGTAT 120

TTATCTTGGC AAGAAAGCAG AGACAAACCG CATTACTGGC ATTTCTAGTA AACCACCTAT 240  
 TTTACTAACA CCATTATTTT CAACTTATTT TTTCCCAACA CATTCTGACA GACAAAATGA 300  
 5 AAATATTTGG TTAAATATGC ATTATATCGA AAGTATTAAA GAATTAAAAA ATCGTAAATG 360  
 TAAAGTGACA TTTATTAATA ATGAATCAAT CATTCTTCAT GTTTCATACC ACAGTTTATG 420  
 GCATCAATAT AACAATTCCA TTTTTTACTA TTACATGGTA GATAACAAT CTCGCATGAT 480  
 10 ATCAAAAAAT CCCGACCAAC CAATAGATTA TAATAAGCC ACATTGAATG TGTTTGAAGC 540  
 ATTGACACGC TATTCTTTAT TTGAAGATAA ATAAATTGTT TATTTTTTAAA ATATGCGGAA 600  
 15 TGTTTTATAA ATATAGTGTA AATGTTCTGC ATATTTTTTTT AAGGTATCTA TTGCAAATTA 660  
 ACTTAATCTT GTTATAATAA TATTTGTGCT TGaTATTCAA ACACATACAA ATTAATCCAC 720  
 AGTAGCTCAG TGGTAGAGCT ATCGGCTGTT AACCGATCGG TCGTAGGTTC GAGTCCTACC 780  
 20 TGTGGAGCCA TTGGAAACGT ACTCAAGTTG GCTGAAGAGG CGCCCCTGCT AAGGtGTAGG 840  
 TCGCGAAAgG CGCGAGGGTT CGAATCCCTC CGTTTCCGTT ACTTGCTAAA ATGGTATATA 900  
 CCATTTTAnC TTTTTTGTTT ACTTATATAT AATGAATGAG AATTTCACTG TTCTTTTATA 960  
 25 TCAATTTTAA AATTCTAAAA ACCTTTCCTA GATAATCTTC TCTAAGAAAG GTTTTTATAC 1020  
 TTGTTGAACT TATAATTAAT TTATTACATA GCAATATTTA CCTGTTTTTA ACTATAAAAT 1080  
 TATCACTACA TGAAATACGA TAATTCGgaT CTCTTAACTT CTCTGCaATT AATGtACTCA 1140  
 30 TTGgTTTCAT CGTATGATTC ATGTATAATA GCATTTkTTA AATAATTC 1188

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 508:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 840 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

40

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 508:

CCCAACTTCG GTTATAAGAT CCCTCAAAGA TGATGAGGTT AATAGGTTCG AGGTGGAAGC 60  
 45 ATGGTGACAT GTGGAGCTGA CGAATACTAA TCGATCGAAG ACTTAATCAA AATAAATGTT 120  
 TTGCGAACAA AAtCACTTTT ACTTACTATC TAGTTTTGAA TGTATAAATT ACATTCATAT 180  
 GTCTGGTGAC TATAGCAAGG AGGTCACACC TGTTCCCATG CCGAACACAG AAGTTAAGCT 240  
 50 CCTTAGCGTC GATGGTAGTC GAACTTACGT TCCGCTAGAG TAGAACGTTG CCAGGCATAA 300  
 TATTAATCCA CAGTAGCTCA GTGGTAGAGC TATCGGCTGT TAACCGATCG GTCGTAGGTT 360

55

GGCGGTAACA CGGGTTCGAG TCCCGTAGgA GTCATACAAG CAGAAGTGAA ATATCGCTTC 480  
 TGTTTTTTTA TTACATATTT ATTGTTGAGG AAGGTTGTCC GAGCTGGCCG AAGaGCACGC 540  
 5 CTGGaAAGTG TGTAGGCGTC ACAAGCGTCT CAAGGGTTCG AATCCCTTAC CTTCCGTAAA 600  
 GGcGCTTAAA TTGGTTTTAC CCATTTTAAG CGCTATTTTT ATTTTGGACT CAATCCCTTG 660  
 ATATATCTGC ATTTGAGCTA TTATCCTCAT TTTTACACTT CTTATTTATT TATATCCATT 720  
 10 TAAAATTTTT TAGCCACAAT GTGACTAATT TTTGaTGAAT AATCCTAATT TTAGtCACAA 780  
 GATTTTGAAG TTTAGTCACA AAACAAATCA TTCAGATTTT TTTCyATAAA TTTAGTTTCA 840

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 509:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1373 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 509:

25 TTCTATGAAA CTATCAGCTG TTTCTTTTTC CTTGGTAAAA ATCGTTTTAA CGCCATGATA 60  
 CATGTATTCT CTTTCAaCAC CCGATTGGTC ATAAGCATCG AAAACACAAA TAATTTTCATC 120  
 TGAAATAACT GCATTATAAT TTGCAATTGC ATCTATTAAT TGCATTCTAG CTTCTTCTAA 180  
 30 ATTCTCTTTT GCAATGGCGC TTAGCGTTGG TGATTGTCCT ATCATATTGT ATCCATCAAT 240  
 GATTAAGTAA CGTTCTTTCA TTATATTTCT CCAACATCAT GTCTTTTTTCG AAATACTTCG 300  
 TACATCATT AACTTGCTGC AACCGAAGCA TTCAAAGTGT TTACATGTCC AACCATTGGA 360  
 35 ATCTTAATAT AAAAATCGCA TTTATCACTT ACTAGGCGAC TCATACCCTG TCCTTCGCTA 420  
 CCAATTACAA TAGCCAATGA CATGTCCGCT TCTAGATTTC TATAATCTGT TGCATTATTA 480  
 40 GCTTCAGTGC CAGCTACCCA AAAGCCATTA TCTTTTAGTT CATCGATAGT TTTAGCTAAA 540  
 TTTGTCACTC GAATAACTGG TACATGTTCA ATTGCACCTG TTGAGGCTTT TGCAACTGTT 600  
 TGCGTTAGTG TAACTGAACG ACGTTTAGGA ATAATAACAC CATCAACTCC CGTTGCATCG 660  
 45 GCTGTTCTTA AAATTGATCC CAAGTTATGT GGGTCTTCTA AGCCGTCTAA TATAAGTACT 720  
 GTCAATAAAC CTCTTTTTTC TTTTGTCTGT TTTAAAATT GATCGAAGTC AGCATATTCA 780  
 TATGGTGCAA TAAGCGCTGC AACACCCTGA TGTGGTGCAT TTGCTAAAAA ATCTAATTTA 840  
 50 GATTTTGGTA CAGTTTGAAC AATGATTTTT TGATCTTTTG CATTTTTTAA AATTTTATTA 900  
 ATTTGTTGCT TTTTAATACC TTCTTGAATC AATATCTTAT TTAyCGGATG CCCAGTAATA 960

TTCGTTTACT ATTGTTATTA TTTTATTTAA TAATGCCTCT AATCGTTCTT CTCTTTTTC 1080  
 TAAATAaAGA AAACCTATCA CTGCTTCTAT CkCTGAACTT TTACGATATG TTTGAACATC 1140  
 5 AGTGTTTTTA GCTTTAGTAT GACTTTTCGC GTTACGCCCT CGCTTCAAAA TATCCATTTC 1200  
 TTCGTCTGTA AACCATTCTT GCTCCATTAA ATATTCTAAC GTTTGCGCCT GACTTTTGGC 1260  
 AGATACATAT TTTTtagACA TTTGATGTAG TTTATTAGGC TTACTTTTAA GCTTTAAAAC 1320  
 10 GATATAGGTA CGTACATATT GATCTAaGAC TCGCTChCCC ATATATGCTA AGG 1373

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 510:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 717 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 510:

TCAAGTGCCA ACTACACAAC TGATTTACAT TCTTTAGGTC AATATGTACA AGAAGGCCGT 60  
 25 CGCTTCTTAT TCGAAACAGT TGTAaaAGTA AATCATCCTA AATATGATAT TACTATTGAA 120  
 AAAGATAGTG ATGATCTAGA CGGATTAAAT TATTTAGCTG GTAAAACAAT CGACGAaTT 180  
 AACACAAAAG CATTCTGAAGG TACATTATTA GCGCATACTG ATGGTGGTGT TCCTAACATG 240  
 30 GTAGTGAACA TTCCACAATT AGATGAAGAA ACTTTCGCTT ACGTCGTATA CTTCTTCGAA 300  
 CTTGCTTG TG CAATGAGTGG ATACCAATTA GCGGTAAATC CATTTAACCA ACCTGGTGTA 360  
 GAAGCATATA AACAAAACAT GTTCGCATTA tTAGGTAAAC CTGGTTTTGA AGaCTTGAAA 420  
 35 AAAGrATTAG rAGAACGTTT ATAAAATACA TTACTTCAAA GATTAGTGAA GTTTGAAAAG 480  
 ATAGAACTAG ACGTTAACTA TTAAAGCAT ATTTTCGAGG TTGTCATTAC AAATGTAAAA 540  
 40 ATGTAATGAC AACCTCGTTT TTATTTATAT GCAAGAACTA GGTTACTAGC TAaTGTGACA 600  
 AGATGTTAAG AGAAAATTAA aGATAAAATA ATATCTGCCT TACAATAATA TTGTTATACT 660  
 ACTAGnGACT GATTTATTAG CATGATTACA TGTTAATGTT TCTTTACTTA GTAATTA 717

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 511:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2700 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear



	AATCTAATTT TTCCTCCTAA TCTCGGATTG GATAGTGGTC AATTTTTCTG GCCCGCCATT	60
	TTAGCGTTTG TTCTAACTGG GATTGGTTTA CCATTATTAG GTGTGATTGT AGGTGCACTT	120
5	GATAAAGAAG GATATATTGG CGCATTAAAT AAAATTTTAC CTAAATTTTC AATATTGTTC	180
	TTAATCATCA TTTATTTGAC TATAGGACCA CTTTTTGCAA TACCTAGAAC TGCATCTACA	240
10	TCTTTTGAAA TGACAATTAC ACCAATTATA CATAGCAATA GTAGTATCGC TTTATTTATA	300
	TTTACGATTA TCTACTTCAT AGTCGTTTTG TATATTTGTT TAAATCCATC TAAGTTAATC	360
	GATCGTATTG GTTCATTATT AACACCATTA TTATTGATTA CTATTTTAGC GATGATTATT	420
15	AAAGGATACT TAGACTTTAG CGGTAATAGT GCTGGAAAGG GCAATGAAGC ACTATATCAT	480
	TCTAATTTTT CAAGTTTTGC TGAAGGCTTT ACACAAGGCT ATTTAACAAT GGATGCCATT	540
	GCAGCAATTG CTTTTTCAAT GATTGTTGTT AATGCAGTAA AACTAACAGG CATTACTAAA	600
20	ACAAATCAAA TATTCAAACA AACTTTGACT GCTGGTTTAA TTGCAGCCGT AGCTTTAATT	660
	TTCATATATA TTTCATTAGG TTATATTGGT AATCATATGC CAGTAAGTGA CATGACGTTA	720
	GATCAATTGA AATCCAAAGA TCGAAACATT GGGACATATT TATTAACGAC AATGGCTTCA	780
25	ACAGGATTTG GTTCATTTCGG AAAATATTTA TTGGGCATCA TTGTGGCGCT GGCATGTCTA	840
	ACTACAGCAT GCGGGCTTAT TGTTGCAGTT TCTGAATATT TCCATAGAAT CGTACCTAAA	900
30	GATCATACA AAGCATTGTG ATTAGTTTTT CTTTAAATGA GTTTTATTAT TGCTAACCAA	960
	GGTTTAAATG CTGTTATCTC AATGTCAATT CCGGTATTAA GCATTGTATA CCCAGTAGCA	1020
	ATAACTGTTG TATTATTAAT TTTAATTGCC AAATTCATAC CGACAAAACG CATTTCACAA	1080
35	CAAATTCCAG TTATTATCGT ATTTATATTG TCGATTTTCA GTGTTATTAG TAAGTTAGGT	1140
	TGGCTGAAAA TTAACTTTAT AGAATCATTG CCTCTAAGAG CGTATTCTTT AGAGTGGkTC	1200
	CCAGTAGCAA TTATTGCAAC GATATTAGGC TATCTAGTCG GCATATTTGT AAAACAAGAT	1260
40	CCAATTAAAT ATCAACAGGA ATAACGAATA ATATAAAAGA GGTGGGACA TAAATCCCTA	1320
	AAAAAACAGC AGTAAGATAA TTTTCAATTA GAAAATATCT TACTGCTGTT CTCTATTTAT	1380
	ACAATACTTC GTATTGAATG GCTTCGCTTT CCTAGGGTGC CGTCTCAGCC TCGGTCTTCG	1440
45	ACTGGCACTG CTCCCTCAGG AGTCTCGCCA TTAATACTAC GTATTAACGT GTAATTTTAC	1500
	TTTGAAATAC TTTAAAAAAA TAAGACACTT TGCCCAACTT GCACATAAAT GTAAAATTCA	1560
50	ATAAAATAAA TTTTCTGTGT TGGATCCCTT CGTATAATTT AATAAATACT ACTAAACTAA	1620
	ATTAACGAGG TGCCTTATGT ATAAAAATTA TAACATGACC CAACTTACAC TACCAATAGA	1680
55	AACTTCTGTT AGAATTCCTC AAAATGATAA TACGCGATAT GTTAATGAAA TTGTTGAAAC	1740

	AAGATATGCA TACCGTAATG ATAGATATAG TTTTAAACGT GACTTCAAGC TATATGAATG	1860	
	TGATGACTGT TCATCATGTT CTTTGAGACA TCAATGCATG AAGCCAAATT CGAAATCCAA	1920	
5	TAAGAAAATT ATGAAGAATT ATAATTGGGA ATACTTTAAA GyCCAAATTA ATCAAAAGCT	1980	
	TTCTGAACCA GAAACGAAAA AAATCTATAG TCAAGAAAA ATTGPTGTAG AGCCTTCTTTT	2040	
	TGGATTTATG AAGGCTATTT TGGGTTTCAC TCGAATGTCA GTTCGAGGAA TAAATAAAGT	2100	10
	TAAACGAGAG CTAGGTTTTG TATTAATGGC ACTTAATATA AGGAAAATAG CAGCTCAACG	2160	
	AGCTGTACAT TATAAAATAC ATATCAAAAA AGCTGATTTT TATCAAATAA TTAATAGAAA	2220	
	TCAGCTTTTT TACATTGCCT AAGAATTTAA TGTCCCAAGC CCTTTTTATC GAATAACTTA	2280	15
	TTGTAAACCT TGTCTTTCTT GGTTATTGTT TTCGTTATTT TTTTCGTGTT TTTGTTTCCA	2340	
	CTCTTTTTGA GTCATTACAT CGTCAACTTG CATGTTAACT TCAACTACAT CTAAACCAGT	2400	
	AATATATTTA ACTTGTTCTT TAACTAATTC AGTTACTTTA CGGAAGATTT TTGGTGCTGA	2460	20
	TTCACCATAT TCTAAGATTA CTTTAAAGTC TACAGCAGCT TGTTTTTCAC CAACTTCAAC	2520	
	AGATACACCT TGAGTAACAT TGTTGCCACT TGAGAATGCA TTAGTGAATG TATCAGTTAA	2580	
	GCCACCTTTC ATATCTAAGA TACCTTTAAC TTCACGTGCA GCGATACCAG CAATTTTTTC	2640	25
	AACAACCTCA TCAGAGAATG TTAATTTGnT TTTGAATTGA GGCTCCTGAT TTnGTTCTnTG	2700	
	(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 512:		30
	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:		
	(A) LENGTH: 1135 base pairs		
	(B) TYPE: nucleic acid		
	(C) STRANDEDNESS: double		
	(D) TOPOLOGY: linear		35
	(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 512:		
	ATCAAATACA ATAATTAAAA TAaTGGCTAA TACaCCTAAa ATaATAATcG AGTTaGAGTA	60	40
	GCCTAAGCGA yCACCcTAAC aGTArACATT CTAGGCATAT ATTTaTCTTT AGACATTGAA	120	
	GCCGCTAACA TCGGAAAAGC TGTAATCCA GTGTTGGCTG CTAATACCAA AATCATCACG	180	
	GTCGTTGCCT GTACAAAATA GAAGGCAGCA TTATCACCAA ATATTTGCAT AGCTAATTGT	240	45
	GATAAAACTG TCGTTTCCGT TTGTGGcAAA ATTCCATAAA CATATGCTAA ACCAACGATA	300	
	CCAACATAA AAAACGCTAA AATTGAACCC ATAGCAATTA ACGTTTTTAC AGCATTTTTA	360	50
	GCACTTGGCT CTCTAAAATT GGTTACCGCA TTTGAAATAG CTTCAACACC CGTTAACGAT	420	
	GAAGCCCCTG ATGAAAATGC TTTTAATAsC AAGAATAATG TTACTCCAGG AACCGCAGTT	480	
			55

AATATTAATA TCACTAACCC TATAATGAAA AGATATACTG GATAGGATAA TACGGTGGCA 600  
 GATTCAGTTA AACCACGTAA ATTTAATATT AAAATAAAAA GTACAAGTAW ACATGCAATC 660  
 5 AGT<sub>r</sub>CKTTAT GCCCATATAA ACTTGGAAT GCAGCAACAA ATGCATCAGC ACCAGATGAT 720  
 AT<sub>m</sub>CTAACAG CGACAGTCAG TATGTAATCG ACTAATAATG AGCCTCCTGC AAGCAATCCC 780  
 CATT<sub>TTTT</sub>CTC CTAAATTGGT CTTGGACACC ATATACGCGC CGCCACCTTT AGGATATGCA 840  
 10 TAAATAATTT GCCTATAAGA CATAATTAAA GCAGCTAATA AGATCAGAAC AGCACCTGCA 900  
 ATCGGTAAAG TATACCAAGT TGCAACTGCA CCCACTACTG ATAGTGTAAT CAGTATTTGT 960  
 TCGGGACCGT AAGCCACTGA AGATAATGCA TCCGACGAAA GAATCGCTAA CCCTTTAAAC 1020  
 15 TTCGATATCT TTTCGTCTTT TAGTTCTCTG TTTTTTTTAG GTTGCCCTAT AATAAG<sub>t</sub>CTT 1080  
 TTAAATTGAT KGACATAAT<sub>c</sub> TCCTATTCCT TTTTATAGTT TT<sub>n</sub>GATGGAA ATCAC 1135

20 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 513:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 918 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 25 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 513:

TTATGGTAAA ACTTTAACAC AAGCATTACA TAAATCGCAA TCATTTATGT GGCAAAAACG 60  
 TTGAATTTAA GCCATTTCTA TTCATTTTAC GTAATTATTA GCCGTATATG TGTAATAATA 120  
 CACATTTTAT TCAGATTTTT TATCGCGCTC CATTAAATCT TTTACGCATT CTTTTACTGA 180  
 35 GATATTTTCA AATAATACTC TATATAATGC ATTTGTAATT GGCATATCCA CATTTTTTTC 240  
 TTTAGCTAAA TGATAAACTG ATTTAGTTGT ATAAATACCT TCAACAACCA TATTCATTTC 300  
 40 AGATAATGCT TGATCCATTG ATTCACCTTG TCCAAGTTTA TATCCTAATG TGAAATTCCG 360  
 AGAATGTGTT GATGTGCAAG TAACGATTAA GTCACCGATA CCACCTAAAC CTAGAAATGT 420  
 CATAGGATCG GCACCTAACT TTTCACCTAA TCTACTAATT TCCGCTAAGC CACGAGTCAT 480  
 45 TAATGCAGCT TTTCGATTAT CACCGTAGCC AATTCCAGCT ACGATACCAC TTGCTACTGC 540  
 GATGATATTT TTCAATGCAC CACCAAGTTC AACACCAATC AAGTCATCAT TCGTGTACAC 600  
 ACGCAAATAA TCATTCATAA ATAAATCTTG CGTTAATTTA CTTACACTTT TATCTTTTGA 660  
 50 TGAAGCAGCA ACTGTAGTTG GTTGCTTGAC TACAACTTCT TCCGCATGAC TTGGCCCTGA 720  
 CAACACGCCA ATACCTGCAT TATATTCAGG TGAAATAGAA TCTTCAATCA TTTCTGACAC 780

55

CAGCTTATCA TTAATTTGAG AAGCAACTTC TCGCATTGCT TTAGTAGGTA AAGCCATTAA 900

GTAAATATCT GCAAATTG 918

5

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 514:

10

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 587 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

15

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 514:

CAATACTCGG TATTATAGAT AGTCCTACTA CATTATATG GGTGTGTATC ATTACATTAA 60

TTGCACATCA ACTTGAAGGT AATATCATT CACCAAATGT AATGGGTAAA TCTTTAAGTA 120

20

TCCATCCTTT AACAAATTATC GTTGTTATTT TAGCAGCAGG AGATTTAGGT GGCTTTACAT 180

TAGTTCTGAT TGCAGTGCCA TTATATGCTG TACTTAAAC GGTGTGTAGT AATATTTTCA 240

AATACCGCCA ACGCATTATT GATAAAGCAA ACAGTAATGT TAAGGACTAA TTCTGTGGAT 300

25

GTCTTTTAAG AATATAAGAT ACTATCGCAT CAAAAGTTGA AACTACAGCT TTTGAGGCCA 360

TTTTTTTGTG CATAAAAAAT CAGTCMAATG AAATATCAAA TAATTTTCCA TCAGTCCGAT 420

TATTATAAAA GCAAAAAAGC TTTGCTCACA TATATAATAA CGTGAACAAA GCTGTTGAAT 480

30

GATATTATTT AATTGCGTGG AATCCGCTAT CTACATGAAT ATTTTCACCT GTAACGCCAC 540

TTGATAAATC ACTTAATAAG TAAGCCGCAG TTTTACCTAC TTCTACT 587

35

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 515:

40

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 812 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 515:

45

GGTTCATTCC AAAAAAGTAC GCGATAATTA GCGAAGAAGA ATTTGAAAAT TTAAATGTTG 60

TTAAACCAAA TAAAAATAAT GTTTTCTGGT CAGTTATAGG AAGTTCGGTT TTGTTTGGAG 120

TTACTTTAAG GAAATACATA CATGTTTTTG ATGTTCAATT AGATAAGCTA GTTGTAATGA 180

50

TATTGTGTGC TCTCGCTTTA ATTTGTGTTA TAGTTTTTTA TTTTAACTTA AATAGAAAGC 240

TTAAGTTAAA AGTGTGTTGAT ACAAATATTG AAAAAATAA GAGAGTTATA TAAAwACCAA 300

55

TTTCATTAAT TGCCCTTATG ACAATCGAAC CTCAAAATAT AATAATATTT ATTTATTGGA 420  
 TTATGATGAC AATGCTTTTC TTTTGTGTTAA ATATGACTTC GATAGGTAAT GAAAAAGTTC 480  
 5 GCGTTATAAT GAAAAATAAT TGATTACATT TAAAATATTC TAAATGTTGT CGACACAATC 540  
 CTTTTAAGAC GCTAGTAGAA TTAAATGAC TTCTAATGTA TATGAAAGTG TATCAATATA 600  
 AAACCAATTG AAAAGAAGTG GAGACATTGC TTTGTGAAAC TGAAAATATT AATAAGAATC 660  
 10 CCAAATATAG AATTATCAAA TACAAAGATG AATATTTGAT GATTGATTTA GTAAGTACAT 720  
 GGTTAGCACT CTTTTTCCCA ATGATTAATT GGCTGATTCC AAAAAAGTAC GTCAAAATCA 780  
 15 GCGAAAAAGA TTTTGAAACT TTAAACATTG TG 812

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 516:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 526 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 516:

GTTCTATTAT TTCTTCCAAT GGTAATGGAT TTTCGTAAAA TGATTGATAT AAGTTGATAA 60  
 TCTCAATAAC TTTTAATTGA TCTGGAAACA TCGTTTTTTG GAACATTATA CTGCGATTTT 120  
 30 CACTTTGTAA TAACTTGTCT TTATCAAATA TCTCACCAGA ATTAGCATTAC ATTACCAA 180  
 TTAATATATC AATTAACGTT GACTTTCCAG CACCATTTTT TCCAATTAAA GCGATACATT 240  
 TACCTTGTTT AATATCGAAC GAAATATTTT TTAGAACACA TCTTTTATTA AATGACTTGT 300  
 35 TGATATTAGA TATTTGAATC AATTTAATCA CCTCTATTTT TTTCTTAATT TAATATTAGT 360  
 AAATTTATTA GATTTAAAAT AGAACACTTT GTCATAGATT TGAAATGACA AATGTCATTA 420  
 40 TTAGATKTAC ATAATATATT TATCGTtATT TTAATTTTGG GCAAAATAAA AAGAGCCTCT 480  
 ATAATCGrGc TCCTTACAAA TAaATTATAA AAttGGCGAA cTAAAT 526

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 517:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4544 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 517:

	GGAACACCTA AAGAAAGAAA TGATGCATTA AACACAGAGG CTGATATCTA TGTAACCAAT	120
	AAAGAAAATA CTAAATGGTT ATGCGATCAA TATAAAAAAG AATGGCCATT TGATATGGTT	180
5	GTAATTGATG AACTGTCTAC ATTTAAAAGT CCTAAGAGTC AAAGGTTTAA ATCTATTAAA	240
	AAGAAATTAC CACTCATTAA TAGATTTATA GGATTAACAG GAACACCTAG CCCAAATAGT	300
10	TTACAGGATT TATGGGCTCA AGTTTATTTG ATAGACAGAG GCGAAAGACT TGAGTCTTCA	360
	TTCAGTCGTT ATCGAGAAAG GTACTTTAAA CCAACACATC AAGTTAGCGA ACATGTTTTT	420
	AACTGGGAGC TAAGAGACGG ATCTGAAGAA AAGATATATG AACGAATAGA AGATATATGT	480
15	TTAAGCATGA AAGCGAAAGA TTATCTAGAT ATGCCTGACA GAGTTGATAC TAAACAAACA	540
	GTAGTCTTAT CTGAAAAAGA AAGAAAAGTA TATGCAGAAT TAGAAAAAAA CTATATTTTA	600
	GAATCGGAAG AAGAAGGAAC AGTTGTAGCT CAGAATGGGG CATCATTAAG TCAAAAATA	660
20	CTTCAACTAT CTAACGGTGC AGTTTATACA GATGATGAAG ATGTAAGACT TATACATGAT	720
	AAGAAGTTAG ATAAGTTAGA GGAAATTATA GAGGAGTCTC AAGGCCAACC AATATTATTG	780
	TTTTATAACT TCaAACATGA TAAAGAAAGA ATACTTCaAA GGTTTAAGGa AGCAACCACA	840
25	TTaGAGGATT CAAACTATAA AGAACGTTGG AATAGTGGAG ACATTAAGCT GCTTATAGCA	900
	CATCCAGCAA GTGCAGGGCA TGGATTAAAC TTACAACAAG GTGGGCACAT TATTGTTTGG	960
30	TTTGGACTTA CATGGTCATT GGAATTATAC CAACAAGCAA ATGCAAGATT ATATAGACAA	1020
	GGACAAAATC ATACGACTAT TATTCATCAC ATTATGACCG ATAACACAAT AGATCAAAGA	1080
	GTATATAAAG CTTTACAAAA TAAAGAACTA ACGCAAGAAG AATTGATGAA AGCTATTAAA	1140
35	GCAAGAATAG CTAAGCATAA GTAATGGAGG TATAAGATGG GAAAGGCATC ATACGATATT	1200
	AAGCCAGGTA CATTTAAATA TATTGAGTCA GAGATATATA ACCTACAAGA GAACAAGAAA	1260
	GAGATAAATA GATTGAGAAT GGAGATACTT AACCCAACGA AAGAGCTAGA CACTAACATT	1320
40	GTGTATGGAC CGTTGCAAAA AGGTGAACCA GTTAGAACAA CTGAACTAAT GGCAACAAGG	1380
	TTATTGACTA ATAAGATGTT ACGAAACCTA GAAGAAATGG TCGAAGCAGT TGAAAGTGAA	1440
	TACTTAAAGT TACCTGAAGA TCATAAGAAA GTAATTAGGC TAAAGTATTG GAATAGAGAT	1500
45	AAGAAGCTAA AGATAGAGCA AATAGGAGAT GCATGTCACA TGCATCGTAA TACAGTTACT	1560
	ACTATACGAA AGAACTTTGT TAAAGCGGTA cGwLAtCATG CAGGTATCAA ATAACATTGT	1620
50	GCAAAGATTG TGCAAAAGGC CTACAAATCT GTAGTAATAT GATAGTATCG GAAAGATGTA	1680
	TAAAGTTATC TAAAAGTTAT ACGACACAAG TACACGAGGC ACATCGCTAT GCGtGTGTCT	1740
	TTTGTTATGC AATCAAAGAG GTGTAAGAGA TGACCAAGCA TAATAACATT TATAAGCATG	1800

55



	AGATAGCATT	AGATAGGGAT	AATCATCTTT	GTCAAATGTG	TTTACGTGAA	GACATAGTAA	1920
	CAGATGCAAA	CATAGTGCAT	CATATTATTT	ATGTTGATGA	AGATTTTAAT	AAAGCTTTAG	1980
5	ACTTAGATAA	TTTGATGTCA	GTTTGTTATA	GCTGTCATAA	CAAAATTCAT	GCAAATGATA	2040
	ATGACAAAAG	TAATCTTAAG	AAAATTAGAG	TATTA AAAAT	TTAAATAAAA	AAATAATTTA	2100
	TTTTTATAGC	CCCCTACCCA	TCGGCTTAAA	ATGTTTTTTC	GACGGGTACC	GGCGGGGGCC	2160
10	CTTCGCTTGC	AACGCGGATA	AACTTTTATG	AAAGGGGGTC	TTTATATGAA	ATTAACAAAA	2220
	AAACAGCTGA	AAGAATATAT	AGAGGATTAT	AAAAAATCTG	ATGACATATT	AATTAATTTG	2280
	TATATAGAAA	CGTATGAATT	TTATTGTCGG	TTAAGAGATG	AACTTAAAAA	TAGTGATTTG	2340
15	ATGATAGAGC	ATACAAACAA	GGCTGGTGCG	AGCAATATTG	TTAAGAATCC	ATTAAGCATA	2400
	GAACTGACAA	AAACAGTTCA	AACACTAAAT	AACTTACTCA	AGTCTATGGG	TTTAACTGCA	2460
	GCACAAAGAA	AAaAGATAGT	TCAAGAAGAA	GGTGGATTCTG	GTGACTATTA	AAGTTT TAAA	2520
20	TGAACCTTCA	CCAAA ACTAT	TAACAACATG	GTATGCAGAG	CAAGTCACTC	AAGGGAAAAT	2580
	AAAAACAAGC	AAATATGTTA	AAAAAGAATG	TGAGAGACAC	CTTAGATATC	TAGAAAATGG	2640
25	AGGTAAATGG	GTATTTGATG	AAGAATTAGC	GCACCGTCCT	ATTCGATTCA	TAGAAAAGTT	2700
	TTGTAAACCT	TCCAAAGGAT	CTAAACGTCA	ACTTGTATTA	CAACCATGGC	AACATTTTAT	2760
	TATTGGCAGT	TTGTTTGGTT	GGGTT CATAA	AGAAACAAAA	CTGCGCAGGT	TTAmAGAAGC	2820
30	TTTGATATTT	ATGGGGCGAA	AAAATGGTAA	AACAACTACT	ATATCTGGTG	TTGCTAACTA	2880
	TGCTGTTTCT	CAAGATGGAG	AAAACGGCGC	TGAAATCCAT	CTTTTAGCAA	ACGTAATGAA	2940
	ACAAGCTAGG	ATTCTATTTG	ATGAATCTAA	GCCGATGATT	AAAGCTAGCC	CAAAGCTTAG	3000
35	AGAAAATTTT	AGACCTTTGA	GAGATGAAAT	TCATTACGAT	GCAACTATAT	CTAAAATTAT	3060
	GCCACAGGCT	TCAGACAGTG	ATAAGTTGGA	TGGTTTAAAT	ACACATATGG	GCATTTT TGA	3120
40	TGAAATTCAT	GAATTTAAAG	ATTATAAATT	GATTT CAGTT	ATAAAAAACT	CAAGAGCGGC	3180
	AAGGTTACAA	CCCCTTCTTA	TCTACATTAC	GACAGCAGGG	TACCAACTAG	ATGGACCACT	3240
	TGTTAATATG	GTAGAAGCGG	GAAGAGACAC	CTTAGATCGA	ATCATCGAAG	ATGAAAGAAC	3300
45	TTTTTACTAT	TTAGCTTCTC	TCGATGATGA	CGATGATATA	AATGATTCGT	CGAATTGGAT	3360
	TAAAGCAAAT	CCTAACCTAG	GTGTTTCTAT	CGATTTAGCT	GAAATGAAAG	AAGAGTGGGA	3420
	AAAGGCTAAG	AGAACACCAG	ATGAACGTGG	AGATTTTATA	ACCAAAAGGT	TTAACATCTT	3480
50	TGCTAATAAT	GATGAGATGA	GTTTTATTGA	TTATCCAACA	CTTCAAAAAA	ATAATGACAT	3540
	TATTTCTCTA	GATGAGTTGG	AAGGTAGACC	ATGTACTATA	GGTTATGATT	TATCAGAAAC	3600

55

AACACATTCT TGGATTCTTA AGCATAAAGT TGAATATTCT AACGAAAAGA TACCCTATAT 3720  
 AGAATGGGAA GAAGACGGAT TACTAACAAT ACAAGATAAT CCTTATATAG ACTACCAAGA 3780  
 5 TGTTTTAAAT TGGATAATAA AGATGAATGA GCATTATGTT GTCGAAAAAA TCACTTATGA 3840  
 TAGGGCGAAT GCTTTTAAAT TAAATCAAGA GTTAAAGAAT TATGGCTTTG AAACAGAAGA 3900  
 AACWAGACAA GGGGCTTTGA CCTTGAGCCC TGCATTGAAG GATCTAAAAG AAATGTTTTT 3960  
 10 AGATGGGAAA ATAATATTTA ATAATAATCC TTTAATGAAA TGGTATATCA ATAATGTTCA 4020  
 GCTGAAACTA GACAGAAATG GGAAGTGGCT GCCATCTAAA CAAAGCAGAT ATCGTAAAAT 4080  
 15 AGATGGTTTT GCAGCATTTC TAAACACATA TACAGATATT ATGAATAAAG TTGTTTCTGA 4140  
 CAAGGGTGAA GGAAACATAG mATTATTAG TATTArAGAT ATAATGCGTT AAGGAGGTGA 4200  
 ATGTTATCGC AAAAGAGAAT ATTGTCACAC GCATAAAGAA AAAATTGATA GACAATTGGA 4260  
 20 TTGaTCAGTC AGCTTCTAAG CTTTATGACT TTAGCCCATG GAAAAATAAA TCTTTTTGGG 4320  
 GTGTAATCAA TAATACGCTT GAAACTAATG AAACGATATT TTCAGCTATT ACnAAGTTAT 4380  
 CTAATTCGAT GGCTAGTTTG CCCTTGAAAA TGTATGAAGA TTATAAAGTA GTTAATACAG 4440  
 25 AAGTATCTGA TTnACTTACA GTGTCACCGA ATAATTCTCT GAGCAGTTTT GATTTTATTA 4500  
 ATCAAATTGA AACAATCAGA AATGAAAAAG GTAATGCATA TGTG 4544

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 518:

30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 881 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 35 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 518:

40 CATGGCAGAA TATTGAAGCT GTAAAAAAG GACATGTAAT TTCATATAAA GCAGAAGATT 60  
 ATTGGTTCAC AGATCCTATT ACATTAGAAC ATTTGAGAAG TAAATTAAAA AAAGAAATTT 120  
 TAAATAAAAA ATAATAGAAA TAAGTTGTAA AAATTTTCTT ATGCATTGGT ACTAATGTTT 180  
 45 TTAAGGAGTG ATTAAATGAA GCAACTGGTT GGAATCCCG AATCAATGTT AATTCCTTTG 240  
 ATAGCTCGAG CAAAAGAGTA CGAAAACGAA AAACCAATAA TAAAAGACGC ACTATCAAAA 300  
 AAAATATTTG ATGGTTTGA TGATATGTAC AAAATGTGA CATGTGATGA CATGTCTCAA 360  
 50 ATTGGAATTA GTATACGTAC TGTGATAATA GATTGTGTTA CTAAGAGGCT TATCAAGGAT 420  
 AATAAAGATT TAATCGTGGT CAATATAGGT TGTGGCTTAG ATACAAGGTT TCAAAGATTT 480

55

ACATTTTTTA AAGAAAGTAA TAGTTATAAG ATGATATCTA AATCTATGCT AGATTACAGT 600  
 TGGATTGATG ATGTCAAAAA TTATAAATTT TTTAATAGTA AGTCAGATAT ATTGTTTATT 660  
 5 ATTGAAGGTG TATTGaTGTA TTTTGATGAG AGTGTAATGA CTCAATTATT GGACACTATT 720  
 ATCAAAAAGA TGGGAGATCA TAATTTGACA TTTGCGATTg AATTTTGCTC aAAAACAATT 780  
 GCGAATAATA CmAAGAGACA TCAATCGGTA TCCAAGTTAT CCTCACCACC TGTTTTTAAA 840  
 10 TATGGGTACC ATGATTTAnA AAAATTGGAT GAnATTTACC C 881

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 519:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3122 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 519:

TGAATaAAAA TATATTAATA GATAAACACA AATGTGTCCA AATACCCCTA GAGGTATTTG 60  
 25 ACnAGTTCCA TCCAAGTGT TAAATACCC CTACAGGTAT TTTTAGGGAG GTTATTATGA 120  
 AACAAACGG AGAAAaGTTT ATCGATGAAT TTAGTAAAGC AGAATTGGAA AACTAGCCA 180  
 AGCAAGGGCA ATTAATTGAC GTTAGAACAG AAGAGGAGTA TGCATTAGGA CATATCAATG 240  
 30 GTTCCATACT TCATCCTGTT GATGAGATTG AGTCATTCAA TAAAGAAAAA AATAAACCT 300  
 ATTATGTAAT CTGTAGAAGT GGTAACAGAA GTGCTAATGC TAGTAAATAT TTAGCTAAAC 360  
 AAGGTTATAA CGTTATAAAT CTTGATGGTG GTTATAAAGC TTATGAAGAA GAAAACGATA 420  
 35 GTTATGATAC ACAAGAAGAA TATAAAAGTA TAGAAATTAA AGCAGATCGT AAACAATTTA 480  
 ACTATCGTGG TCTTCAATGT CCAGGGCCAA TTGTAAAAAT TAGTCAAGAA ATGAAGAATA 540  
 40 TTGAAGTAGG TGACCAAATT GAAGTCAAAG TCACAGACCC TGGATTCCCT AGTGACATTA 600  
 AAAGTTGGGT GAAACAAACA AGGCATACTT TAGTTAAGCT TGATGAAAAT AACAATGGAA 660  
 TTAATGCGAT TATTCAAAAA GAAAAAGCAA AAGATTTAGA TATAAATTAT TCTGCTAAAG 720  
 45 GTACTACAAT TGTATTATTT AGTGGAGAAT TAGACAAAGC TGTAGCAGCG TTGATTATTG 780  
 CAAATGGTGC TAGAGCTGCT GGAAAAGATG TAACTATCTT CTTTACTTTT TGGGGGCTTA 840  
 ATGCATTAAA AAAAGTGCAA ACAGTTAATG TTA AAAAGCA AGGTATTGCA AAAATGTTTG 900  
 50 ATTTAATGTT GCCCAAAAAG AATATACGAA TGCCTCTTTC CAAAATGAAT ATGTTTGGTT 960  
 TAGGAAATAT GATGATGCGC TACGTAATGA AAAAGAAAAA TGTGATTCA TTACCAACAC 1020

EP 0 786 519 A2

	TCATGGGTAT TCAGAAAGAA GAACTTAGAG ATGAAGTTGA GTACGGTGGT GTAGGCACTT	1140
	ATATTGGTGC TACTGAAAAT GCGAATCATA ATTTATTTAT CTAATTAAAT CTATTAATAA	1200
5	AAGGAGTTGT TATCATGTTT TTAAACAGT TTTACGATAA TCATTTATCT CAAGCATCAT	1260
	ATTTAGTGGG TTGTCAACGT ACAGGAGAGG CAATAATAAT AGACCCTGTT CGTGATTTAT	1320
10	CGAAATATAT AGAAGTTGCA GATTCTGAAG GTTTAACAAT TACACAAGCT ACAGAAACAC	1380
	ATATTCATGC TGATTTTGCT TCAGGAATTC GTGATGTGGC TAAACGCTTA AATGCAAATA	1440
	TATATGTGTC TGGCGAAGGT GAAGATGCAT TAGGGTATAA AAATATGCCA TCAAAAACAC	1500
15	AATTTGTTAA ACATGGAGAT ATCATTCAAG TAGGCAATGT TAAATTAGAA GTTCTGCATA	1560
	CTCCAGGACA CACGCCTGAA AGTATTAGCT TTTTACTCAC TGATTTAGGT GGTGGTTCAA	1620
	GTGTTCCGAT GGGATTATTT AGTGGTGA CT TATTTTTTGT TGGTGATATA GGTAGACCTG	1680
20	ATTTACTAGA AAAATCTGTT CAAATAAAgG GTTCTACAGA AATTAGCGCG AAACAAATGT	1740
	ATGAGTCCGT TCAAAATATT AAAAATTTAC CAGACTATGT TCAAATCTGG CCGGGTCATG	1800
	GTGCTGGAAG CCCTTGTTGGT AAAGCATTAG GTGCCATACC TATATCTACA ATAGGTTATG	1860
25	AGAAAATTAA TAACTGGGCA TTTAATGAAA TTGATGAGAC TAAATTTATT GAATCATTAA	1920
	CATCAAATCA ACCAGCACCA CCGCATCATT TTGCACAAAT GAAACAAGTT AATCAGTTTG	1980
30	GTATGAATTT ATATCAATCA TATGATGTTT ATCCTAGTTT AGATAATAAG AGAGTAGCAT	2040
	TTGATCTTCG TAGCAAAGAG GCCTTTCACG GTGGCCACAC AAAAGGAACA ATCAATATAC	2100
	CATACAACAA AAACTTTATT AATCAAATTG GTTGGTACTT AGATTTTGAA AAAGATATAG	2160
35	ATGTAATTGG AGATAAATCT ACTGTTGAGA AAGCGAAACA CACTTTACAA TTAATTGGGT	2220
	TTGATAAGGT AGCAGGCTAT CGTTTGCCAA AATCAGGCAT TTCAACCCAG TCCGTTTATA	2280
	GCGCTGATAT GACAGGTAAA GAAGAACATG TATTAGACGT ACGTAATGAT GAAGAGTGGA	2340
40	ATAATGGACA CTTAGATCAA GCAGTTAATA TTCCGCATGG TAAATTATTA AATGAAAATA	2400
	TTCCTTTTAA TAAAGAGGAT AAAATATATG TACATTGTCA GTCAGGTGTT AGAAGTTCAA	2460
	TTGCAGTGGG TATATTGGAA AGCAAAGGTT TTGAAAATGT GGTGAATATT AGAGAAGGCT	2520
45	ATCAAGATTT TCCAGAATCA TTAAAATAAT TTAAGGATGT GGAAAAAATG AATAAGCATT	2580
	ATCAAATTGT TATTATTGGT GCGGTACAG CAGGTGTTAC CGTAGCATCA AGACTATTAA	2640
50	GAAAAAATCA AAACTTAAAA GAGAAAATAG CAATTATAGA TCCAGCAGAC CATCATTA CT	2700
	ATCAACCATT ATGGACGTTG GTTGGTGCAG GGGTATCTAG TTTGAAAAGT TCTCGTAAAG	2760
55	ATATGGAAAG TGTTATACCT GAAGGTGCTA ACTGGATAAA ACAGGCTGTT TCAAGTTTTC	2820

TAGTAGCTCC AGGATTACAG ATTAATTGGT CTTCAATTAA AGGACTAAAA GAAAATATAG 2940  
 GTAAAAATGG TGTTCGCTCT AACTATTCAC CTGACTATGT TAACgAAACT TGGAACCAAA 3000  
 5 TTTCTAATTT TAAACAAGGA AATGCCATTT TTACGCATCC AAACACTCCT ATAAAGTGTG 3060  
 GAGGTGCgCC TATGAAAATT ATGTATTTAG CTGAAGATTA TTTTAGGAAA CATAAAATCC 3120  
 GT 3122

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 520:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3982 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 520:

ATAnAGATAT AnATnAATAT ATTGAGGTCA AACGATGATA ATTAAAATTT TAACAATTCT 60  
 ATTACTACTT TGTATATTGA GCTATTTGGT TACAAATAGA AAGAAGCCTT TTCTGTTCTT 120  
 25 AAAGACACTC TTTATGGGTG TGGTATTTAT CTTTATAGGA TATATTTTAC TGGCAATATC 180  
 TGCCGTAATT ATTTATGGTA TTATTCAATT TATCACAATT GATTTTGGTA GTTTTTTCTT 240  
 AATGGGTATT ATATTGATCT TGATTTCAAG TATATTCCAA TTATTTATAG TTAGATTACT 300  
 30 TTTTAGAAAA AAGAATGTCG ATTTGACAGA GGTGTGCGTT TTAsAsCATT TAATTCAATG 360  
 GTTCTTAGTT TACTTTGCGA TCTATCAAGC AGTAAATGAA AAAATGGACA TTAATGATAT 420  
 TAATATCGAC AATTTCCAAT CTGTCTTTTT TGACGTGTCT AATTTGAATT TAGTAATTCT 480  
 35 ACCAACGTTA ATCATTAGCT GGGTCACAAT ATTTAACTAT AGAATGAGAA GTTACAAATA 540  
 AAATCTATGA GATTATACCT TCAGACACCA ACATTCAAAT GGTGTCTTTT TTGTTGTGTG 600  
 40 GTTTTATTTT TGAAATTGCG AAAAGTAGAG GCATGAATTT TTTGACTAGT GTATAAGTGC 660  
 TGATGAGTCA CAAGATAGAT AGCTATATTT TGTCTATATT ATAAAGTGTT TATAGTTAAT 720  
 TAATAATTAG TTAATTTCAA AAGTTGTATA AATAGGATAA CTTAATAAAT GTAAGATAAT 780  
 45 AATTTGGAGG ATAATTAACA TGAAAAATAA ATTGATAGCA AAATCTTTAT TAACATTAGC 840  
 GGCAATAGGT ATTACTACAA CTACAATTGC GTCAACAGCA GATGCGAGCG AAGGATACGG 900  
 TCCAAGAGAA AAGAAACCAG TGAGTATTAA TCACAATATC GTAGAGTACA ATGATGGTAC 960  
 50 TTTTAAATAT CAATCTAGAC CAAAATTTAA CTCAACACCT AAATATATTA AATTCAAACA 1020  
 TGACTATAAT ATTTTAGAAT TTAACGATGG TACATTCGAA TATGGTGCAC GTCCACAATT 1080

	TCAAAATCTT GTGAGAGAAT TTGAAAAAAC ACATACTGTC AGTGCACACA GAAAAGCACA	1200
	AAAGGCAGTC AACTTAGTTT CGTTTGAATA CAAAGTGAAG AAAATGGTCT TACAAGAGCG	1260
5	AATTGATAAT GTATTAAAAC AAGGATTAGT TAAATAAAAC TTCAATCGTT GCTGTTATCT	1320
	GGAAATAATT AATTAAATGT TATGTTAATT TTTGTTAATG AAAAAAGTAA TCTATTTAAT	1380
	GACAGGTAA TGTAATTGTC CTGAAATTGA CTATATACTC AGTAAGTATC AATTTTAAGG	1440
10	AGAGCTTATA ATGAAATTTA AAAAATATAT ATTAACAGGa ACATTAGCAT TACTTTTATC	1500
	ATCAACTGGG ATAGCAACTA TAGAAGGGAA TAAAGCAGAT GCAAGTAGTC TGGACAAATA	1560
	TTTAACTGAa aGTCAGTTTC ATGATAAACG CATAGCAGAA GAATTAAGAA CTTTACTTAA	1620
15	CAAATCGAAT GTATATGCAT TAGCTGCAGG AAGCTTAAAT CCATATTATA AACGTACGAT	1680
	TATGATGAAT GAATATAGAG CTAAAGCGGC ACTTAAGAAA AATGATTTTCG TATCAATGGC	1740
20	TGATGCTAAA GTTGCATTAG AAAAAATATA CAAAGAAATT GATGAAATTA TAAATAGATA	1800
	ATAAATAAAA CAGGTTGAGA CAAAAAATGG TCTTAACCTG TTTTCAATTT GCATATGTGA	1860
	TAAATTCTAT ATCAAAATGC TTATGTATAA TGAATGACAT TTAAAAGTAG GGGAGACAAA	1920
25	TATAAATACA ATAGTTCCTA GGATTACTCT CAAAATAACT ATATCAATTA TTTACTTTGC	1980
	TCTCCTATTT TTTAAAATAT GTACATGTTT AAACAATCAA AAGTGTACAA TATTAAATTA	2040
	TCATTTCCAG TTCTAGTGCT ATATTGGTAG TAGTTGACTA AATGAAAATA AGCTTATAAC	2100
30	AAGTTTTTTC AATACTCGTG GGGCCACAAC AGAGAGAAAT AGGATCACCA ATTCCAACAG	2160
	ACAATGCAAG TTGGCGGGGC CCCAACATAG AGAAATTGGA TCACCAATTT CAACAGACAA	2220
	TGCAAGTTGG GGTGGGGCCC AACACAGAAG CTGGCGAAAA GTCAGCATAC AAAAATGTGC	2280
35	AAGTTGGCGG GGCCACAACA GAGAGAAATA GGATCACCAA TTCCAACAAA CAATGCAAGT	2340
	TGGCGGGGGC CCCAACATAG AAGCTGGCGA AAAGTCAGCT TACAAAAATG TGCAAGTTGG	2400
	CGGGGCCCCA ACATAGAGAA ATTGGAACCC CAATTTCTAC AGACAATGCA AGTTGGGGTA	2460
40	GGACATCGAT AAAGAAATAC TTTTCTTTA GCAATTAGTA TTTCTTATGC ATGAGCTTTA	2520
	CTCATGTATT CATTTTTTAA GTACaCATTa GCTACAGCTA ATGATAAAGA ACCACTACAT	2580
45	AATAAATCAT TAGTGGTTCT TTATCATTTT TATCTCACTC TTTTACTGGA AGAAAAAGTT	2640
	TACGTTTGTA GAACATGCCA CAATACCAAA AATAATTAAG AAAAATAAGA CGATAAGCAT	2700
	GATGACACTT TTCAAACAAC CTCTATCAGT TTCTTTCGAT TTTCTTTGTT GAACCTTTTT	2760
50	ATAATCTTCA AGTAGTTTTG CGGCTTTTTT ATTTATATGT TTATTCATGA TGTTGACTCC	2820
	TTATAATATA TGTTTAATTC ATTAAAATAG TTGAAAACAT GACTTGAAAT AAAGATATAA	2880

55



AATTTGATGA TGATATTTGC TTTTATTTT CCAAATGGAA TTTACTTAAA CTGATGCATT 3000  
 AAAATATTAA TGAAGCACTA GAATACATAA ATGAATAGTa ATGGTGcACA GTATAGAATA 3060  
 5 ATTAAGGCTA TATTAAGTAT AAATATCGTT AACTGTAAGC TATCTTTAGT TTTAATATAA 3120  
 ACTATTAGGA TAATCGACGT AAGAAGAATC ATATATATTA ATGATGAAGA AGTCCATACA 3180  
 AAATCCGCAT CATTTGTTGT TAATAATGGG ACTATAATTA ATCCGAAATT AATCATGCAT 3240  
 10 GCTATATATA CTATAATGTT ATACACAATG TTAATTTTTG TTCACCACCT TATACTTCTA 3300  
 TTTTAAAAAC TTCTTTATAA TGATATATTG TTTAATGTTG AAATAATTAG ATTATCTAAT 3360  
 TTTCATTTGC TTTACATGTA AAAGGCTATA TATAGTATGC TCTTTATGAT TCTAAATGCT 3420  
 15 TTTTAATATT TAATGCTCAT CAACATTTGG ATTTTGAATA TTCAATTCAA AAACCTTTATT 3480  
 AGCTACGTCA ATTGTAAAAT CAGAACCATA GTTGACATGA GCTACTTTTA ATTTTCCATC 3540  
 TAAATAATAG ATTGCGATTG CAACATCGTA AAATTCGTCA ATGACAAATA AACTCTTTTC 3600  
 20 GTTTGTTACA ACCTCATGCT CTCCTGAGTA TACAACGTTA ATTTCCCAAT CATTAAAAAC 3660  
 CATTTGTTAA CCTCCTTGAA CATTTAAATT GATTCAACTT AAGTTTAACT TATTCATACA 3720  
 ACTTCGTACA ATATCTAGAT GAACATTAAT TGTATTTCTA GAAATCTTTT TCAATTATAT 3780  
 25 GTACTAATTA TACTTTTAAA TTTCTTATTT CAGTATAGTT TTAAAACGAT TTTAAAATAA 3840  
 TTCTGCAAAT ATATTAACAC ATAATGTGTT CAAAAAGTTT TGAACAATTT CAAAACCTTT 3900  
 30 ATATAAAGGG nTTGACAACA TGGATTCAAA TnTCTTATTT TAAAAATTAC CTCATATAGT 3960  
 GTCATGTTAG CCAATTTTTTA AG 3982

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 521:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1353 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear  
 40

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 521:

45 AGCTTGGaTG ATTTAATaTG GtCCtTTCCC AaCcTTAGAT AATGAAAGAT tTGATAATCC 60  
 TGAATATAAA GAAGCTATGA AAAAATATcA ACAGAGATTT ATGGCTGmAG ATGAGGCTTT 120  
 GAAGAAATTT TTTAGTGAAG AGAAAAAAT aAAAAATGGA AATACTGATA ATTTAGATTA 180  
 50 TCTAGGATTA TCTCATGAAA GATATGAAAG TGTATTTAAT ACTTTGAAAA AACAAAGTGA 240  
 GGAGTTCTTA AAAGAAATTG AAGATATAAA AAAAGATAAC CCTGAATTGA AAGACTTTAA 300

55

GTTAGGTAAA ACATTTTATC AAAACTATAG AGATGATGTT GAAAGTTTAT ATAGTAAGTT 420  
 AGATTTAATT ATGGGATATA AAGATGAAGA AAGAGCAAAT AAAAAAGCAG TTAACAAAAG 480  
 5 GATGTTAGAA AATAAAAAAG AAGACTTAGA AACCATAATT GATGAATTTT TTAGTGATAT 540  
 AGATAAACA AGACCTAATA ATATTCCTGT TTTAGAAGAT GAAAAACAAG AAGAGAAAAA 600  
 TCATAAAAAT ATGGCTCAAT TAAATCTGA CACTGAAGCA GCAAAAAGTG ATGAATCAAA 660  
 10 AAGAAGCAAG AGAAGTAAAA GAAGTTTAAA TACTCAAAT CACAAACCTG CATCTCAAGA 720  
 AGTTTCTGAA CAACAAAAAG CTGAATATGA TAAAGAGCA GAAGAAAGAA AAGCGAGATT 780  
 TTTGGATAAT CAAAAAATTA AGAAACACC TGTAGTGTCA TTAGAATATG ATTTTGAGCA 840  
 15 TAAACAACGT ATTGACAACG AAAACGACAA GAACTTGTG GTTCTGCAC CAACAAAGAA 900  
 ACCAACATCA CCGACTACAT ATACTGAAAC AACGACACAG GTACCAATGC CTACAGTTGA 960  
 GCGTCAAAC T CAGCAACAAA TTATTTATAA TGCACCAAAA CAATTGGCTG GATTAAATGG 1020  
 TGAAAGTCAT GATTTCACAA CAACGCATCA ATCACCAACA ACTTCAAATC ACACGCATAA 1080  
 TAATGTTGTT GAATTTGAAG AAACGTCTGC TTTACCTGGT AGAAAATCAG GATCACTGGT 1140  
 25 TGGTATAAGT CAAATTGATT CTTCTCATCT AACTGAACGT GAGAAGCGTG TAATTAAGCG 1200  
 TGAACACGTT AGAGAAGCTC AAAAGTTAGT TGATAATTAT AAAGATACAC ATAGTTATAA 1260  
 AGACCGAATA AATGCACAAC AAAAAGTAAA TACTTTAAGT GAAGGTCATC AAAAACGTTT 1320  
 30 TAATAACAA ATCAATAAAG TATATAATGG GCA 1353

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 522:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 35 (A) LENGTH: 1987 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 522:

GTCTGAGTCA GGTGCTGTTT GGTAGATGC TGAAAAACA AGTCCTTATG AATTTTATCA 60  
 45 ATTCTGGATT AATCAATCAG ACGAAGATGT AATTAAATTC TTAAATACT TTACTTTCTT 120  
 AGGAAAAGAA GAAATTGATC GCTTAGAACA ATCTAAAAAT GAAGCACCGC ATTTACGTGA 180  
 AGCTCAAAAA ACATTAGCTG AAGAAGTAAC TAAATTTATT CATGGTGAAG ATGCATTAAA 240  
 50 TGATGCAATC CGTATTTTAC AAGCATTATT TAGTGGTGAT TTAAATCAT TATCAGCGAA 300  
 AGAATTAAAA GATGGATTTA AAGATGTGCC TCAAGTGACA TTATCAAATG ACACAACAAA 360

55

5 TGTAAACAAT GGTGCGATTT ATATTAATGG TGAGAGACAA CAAGATGTTA ATTATGCTTT 480  
 AGCACCAGAA GATAAAATTG ATGGCGAATT TACGATTATT CGTCGCGGTA AGAAAAATA 540  
 10 CTTTCATGGTT AACTATCAAT AAATATAATT GCATAGCTAA ATAAATTAGA GCCTACTCAT 600  
 ATTCATTCCT AAGAATGTAA TGAGTAGGCT CTTAATGTAC TTTTCTGTCT GTAAATTATC 660  
 TAAAGAAATC TCTATCGCCT TGGCCAGGTG ATTGACGTTT TGATCGGCTT TGACGTTTTG 720  
 15 GTTGTTCTTT TTGTTGTTTT AATTTCACTT TAACTTCTTT TGTTTTACCA TCACGGATAA 780  
 CGGTAACAGT GACTGATTCA CCAGGTTTTT TATTTTCATA TAAATAGCTT CTAAATCAA 840  
 CATCATCTTT AATTTTCTTG CCATCAATTT CTGTAATAAT ATCACCTTTT TTAAGATCAA 900  
 20 TATCACTATC AGCTTTGGCG ACATAAATAC CGTCTTCTCT ATCAGTATGA AGTTGCTCGC 960  
 GCTCTTCTTC AGGAATATCT TTCAAATTAA TTAAACCAAT ACCAATCGAA GGGCGGTCAA 1020  
 TTTTACCATG TTTTACAAGT TGTTCAATTG TTACTTTAAC TTCATTACTT GGAATAGCAA 1080  
 ACCCGATACC TTCAACTTGT GTCGCAGCAA TTTTCATTGA GTTAATACCA ACTAAATTAC 1140  
 CATTAATATC TACTAATGCG CCACCTGAGT TACCTGGGTT AATAGCAGCA TCTGTTTGAA 1200  
 25 GAACGCTAAC TTTTGTATTG CCACCAGTTG TCTCAGCGTC AATCGTACGT TCGCTTGCTG 1260  
 AAATGATACC AGATGTTACA GAGTTAGCAA ATTGTAATCC TAATGGGTAA CCCATTGCGA 1320  
 ATACGCTATC GCCAGTTTGT ACTTTTGAAG AGTTGGCAAA TTGAATCGCT TTAATACCTT 1380  
 30 TTGTATTTTC AATTTTAAGT ACAGCAATAT CAGTTACTGc ATCTTTACCA ACTAATTTCTG 1440  
 CTTTAACTTG TTTTTTATTA TGTAATTGGA CTCTAATTTT ATTTGCGCCA TCAATAACAT 1500  
 GATTGTTTGT AACGATATAA GCTGAATTGT TGTTTATTTG aTAGATAACA CCTGAACCTA 1560  
 35 CTCCAGCTTC AGATGGTTTA GATGATTGTC CyTTTAATAA GTCGTCTACA CTTGATGCTT 1620  
 TTtGCATGtK AATAACTCCA ACAATTGTAG GGGAGACAGA TTTTATCATT TCATGAACGG 1680  
 TACCGAATTT CTTGCTTTGA CCGTCTAATT GATTGCCACC TTTATTATTT GTTGTCTGAA 1740  
 40 CAGTTGAACC ATCTTTATTT AAAATTGTAC TATTTAATAC TTTGCCTATA CCAAGTACTA 1800  
 GAAGTGCACC AATAATTCCA GCAATCAATG CAACGATGAC TGtTTTAAAC CATGGAAATT 1860  
 TAGGTCTTCT GTATCTAGGT GTTTGGCTAT GGTtTGTGT AGAATGATCT GTATGATTAA 1920  
 45 AATCTGACAT ACTTAACCTC CATTATATGA TTTATATATG CTTTAAATTAT GTCTTTTnTT 1980  
 TATAATT 1987

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 523:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1351 base pairs

55

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 523:

	TTAGAAGTCA AATCATTAnT GGCgTCnTAT CGAGTATACT ATTAACtTCA ACTATTTTtag	60
10	CAATTGCATA TATTTTAATG TGGTTTAACG GCCATATGAC aCTAACTTTG ACCTTAACGA	120
	CAATAATTAC AAGCTGTTTA ACCTTATTAA TATGTAGTAT TTTTATTAAT CCACTTATAC	180
	AAAAAATTAA GCAGTTTAAT ATAAAACTA AGCAATTTGC TAACGGAAAT TACGCAAGCA	240
15	ATGATAAAAC GTTTAATTCA CCAAAAGAAA TTTATGAATT AAATCAATCT TTTAATAAAA	300
	TGGCTTCTGA AATTACGCAA CAAATGAATC AAATTAAATC CGAACAACAA GAAAAAACAG	360
	AACTGATTCA AAACCTAGCC CATGATTTAA AAACACCTTT AGCAAGCATT ATTTCATATT	420
20	CTGAAGGACT ACGTGATGGT ATAATCACTA AGGATCATGA GATTAAAGAG TCATACGACA	480
	TATTAATTAA ACAAGCAAAC AGATTATCAA CATTATTTGA TGATATGACT CATATTATCA	540
	CTTTAAATAC AGGTAAAACA TATCCCCCAG AATTAATACA ACTAGACCAA TTACTIONTAT	600
25	CAATATTGCA ACCATATGAG CAACGTATCA AACATGAAAA CCGCACATTA GAAGTGAATT	660
	TCTGTAACGA AATTGATGCA TTTTATCAAT ATCGAACGCC ACTTGAGCGT ATTTTAACAA	720
	ACTTACTTGA TAATGCGCTA AAATTTTCAA ATGTTGGTAG TCGCATTGAT ATTAATATTA	780
30	GTGAAAACGA AGATCAAGAT ACTATCGACA TTGCTATTAG CGATGAAGGT ATTGGCATTA	840
	TACCAGAACT ACAAGAACGT ATATTCGAAC GTACATTcAG AGTAGAAAAC TCTCGTAATA	900
	CAAAAACGGG TGGTTCTGGA TTAGGCTTAT ATATAGCTAA TGAACtCGCG CAACAAAATA	960
35	ACGCAAAAAT CAGTGTAAGC AGTGATATAG ATGTAGGAAC TACGATGACT GTAACATTAC	1020
	ACAAATTAGA CATTACGTCA TAATCCGATT TATTTATAAA ATAAAATGCA AAGACTAAAA	1080
40	AGAAGCTCCC ATTAATGAGG GCTTCTTTTT TTGTTTATTT AGAATAAACT TTATGGGTAT	1140
	CCTTCTCATC ATTTTCAAGA CTTGAAAGAT TTGTAGCTTG AATAATATAT TTAGGACGTG	1200
	CCTTAACTTC ATAATATATC CTGCCAATAT ATTCACCTAC AACACCAATT GAAATTAACT	1260
45	GTATGCCGCC TAATAATAAA ATAGCTGCAA TCGTTGAAAA ATATCCCGGA ATATTAACAC	1320
	CAGATATCAT AATATTGATG GAATAAATAG A	1351

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 524:

50

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 433 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double

55

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 524:

5 TTGTTGTCAG TTAAACGCAA CGTGTTACCG ACTTTTCAAG TACACAACAA TATATATGTC 60  
 TATTCCATTT TTAGCCCCcTG CCATTTTCAT CATTGGTGGT ATTATGTTGT TTATTTCAAC 120  
 ATTTAATAGC TTAGATGAAA CTGCTGAAAA TAATAACAAA ATAAAGAAAC TAATGATTAA 180  
 10 AGGACTTATC ATTATTAAACA TTTCATTTAT CGTTATGATG GTTTTAAACAC CATATTGGTA 240  
 CTTGTATTTA ATCGTCTATC TTATTTTCTT GTTGTTTTTA TTGTGGCAAA AGGTTTATAA 300  
 ATTTTAATAC CAAACTATT AAACACTTCT GATATTCTTA GTTCAAAATA TCAGAAGTGT 360  
 15 TTTATAGTGT TATCTAGTTC AGATAAATAT TTCCTTACTT AAAAAACGC CCTCCTCTTA 420  
 TTTTGACCCC nAT 433

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 525:

20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1845 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 525:

30 CCCCCACTAT GATATGCTTG GCCTATTGCG TCAATCCCCT TATATTTTCGG CAATAGAGAT 60  
 GGATGTATAT TCAATATTTT ACCTTCAAAT GAAGCTAATA AGTCTGGACC AATTAGACGC 120  
 ATGTAGCCAG CTAGAATAAT CCACTCTACC TTATCTTCAT TTAATAATGT TACTAAATGT 180  
 35 TGTCATACG CTGCTTTTGA ATCAAATTGT TTTGGTTCAT TAATATAAAC AGGAATATCG 240  
 TGCTTTTTTG CTCTATCTAT ACAAACGCA TTTTGATGAT CCGTATATAG CGCCGTAAC 300  
 TCAATATTTT CAAGTTTTCC TGATTCAACA TGCTCAACTA TATTTkCAA GTTACTTCCT 360  
 40 GAACCTGATG CAAAAATCGC AATTTTAACC ATTGTTATAC CCCCAACAAT TCAATTGCAG 420  
 TTGACTCATT TTTCACAATA TGACCAATTT GATAGGCTTC CACATTTTGT TCTGCTAAAA 480  
 TCTTCAAAGC GCGTGATACA TCTTTTTTCAT CAACGATAAC CGTATAGCCA ATACCCATAT 540  
 45 TAAAAATGTT ATACATTTCA TTTGTGTCTA TATTGCCTTG TTGTTGTAAC CAATCAAATA 600  
 TTTTGGTGT TGGAAATGAT GTAGTATCAA TTCTAGCAGC ATATCCGGCT GGCAATGCAC 660  
 GTGGAATATT TTCATAAAAA CCTCCACCAG TAATATGATT CATTGCCTTA ATAGAACTT 720  
 50 CTTTTTTCAA AGCAAGTACA GGTGACAT ATAATTTAGT TGGTTCTAAA AAGACATCGA 780

55

5 GCACTAAACT GTATCCATTT GAATGAATGC CACTTGACGC AAGCCCTATA ACAACTTGTC 900  
 CCTCTTTCAC TTCTGAACCA TCTACATAGT CATCCTTTTC AACTGCTCCA ACAGCAAATC 960  
 CAGCTACATC ATATTCGCCT TCGTGATACA TTTCACCCAT TTCAGCAGTC TCTCCACCGA 1020  
 TAAGTGCAGT ATTCGTTTCA ACACATGCAT CACTAATACC TTAAACAATT TGTTCATAA 1080  
 CTTCAGGAAC AACTTTGTTT GTAGCAATGT AATCTAAAAA ATATAATGGT TCTGCACCTG 1140  
 10 TCGTTAAAAT ATCATTAAAC CACATTGCGA CTGCATCGAT ACCTATCGAA TCATGTTTAC 1200  
 CATAGTCGAT AGCTAGTTTT AATTTTCGTAC CTACTCCGTC TGTTCCAGAA ACTAAAACTG 1260  
 GCGCTGtCAT ATTTAATTGT GATAAATCAA ATGTAGCACC GAATCCACCT AAACCACCGA 1320  
 15 TAACTTCTTT ACGCATCGTA CGtTTAACaw GaCtAGaCaT TctTTctACA GCTTCATAAC 1380  
 CAGCATGAAT ATTTACACCA GATTGTTTAT ATGCTTTAGA CATTTAAATT TCCCTCGCTA 1440  
 TCAAAAAAGT GTTTGTTTTT AGAAATATAT TGCTTTTGTC GATGACTTAA ATGCGCTTTA 1500  
 TAATTTGCTT CATAATCATA TAACCCTGCA GGATAATCTC CAGTGAAACT TTCTACACAT 1560  
 AAGCCACTAT ATGGCGCGTC ATAATCTAAA CCAATTGATT CAATTAACCC ATCTACAGAT 1620  
 25 AGATATGCTA ATGAATCAGC GCCAATATAA TCTTTAATTT CTTCAGGTGA TTGCTTGCA 1680  
 GAAATTAATT CTGCCGTAGT TGAAACATCG ATTCCGTAAA AACTTGGAAA CATAAATTCC 1740  
 GGTGATGCTA TACGCACATG CACTTkATTT GCACCAGAAT CkTTTAACAT TTTCACAATG 1800  
 30 CGTCGAATTG TCGTACCGCG rACAATGGAA TCATCAACAA GACTG 1845

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 526:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 35 (A) LENGTH: 1141 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 526:

40 TCATAAATnG TAAATGTTAA TCGTCATATA ATATTAATTT ACAACACCAT TTTGGTTATT 60  
 TGAAGCTTGT GCGCTTGTT GTGTGCCACC TTGATTTTGA TTTGAGTTTT GATCTGTAGC 120  
 45 AGGTTGTTGT TGATTGCTGG AmtCACTGTT ATTAGTTGAm TCACTGTTCT CGTTAGATGT 180  
 CTTATCTTTA TCTGTCGTAT CATTTTGTTT TTTTCTCAAT AAATATTAT CTAAAGGCGT 240  
 50 TAATGGTATT AATGAACCAT AATGATTAAT GACACGTTGA TCTAAGAAAT CATTTTTATC 300  
 ATTAATAGGT GATAATTCTA AGTCTTTACG AAGTAAGTTT GCATATTTTT GAATGCTTTC 360



AGTTTTAATT TCAACATCAT TTGTTaAGTA CATTTTTGCT AAAGCTTTAA TTTCAGAGTT 480  
 AGTTAAATTA TGCTTTGCAT TTTTACCTAC AATTGAATC ACGTTATCAA GTTTATCAAT 540  
 5 AGAATCAACT TCCTGTGCTT TTTGGAATAA AATCTTAATT AATTCATTT GACGTTGTCC 600  
 ACGTTTTAAG TCTGAATCAT GATGTCTAGT TCTAGCAACT GCTAAAGCCT CATCACCATT 660  
 TAATTTTTGG TACCCTTTTT TAATTTTAAT CTTACCAGTA TCATCTGTGT TAGGTTCAAT 720  
 10 TAAGTCGTAT GGCACATCAT AGTATATGCC ACCAAGCTCA TTTACAGCCT CGACAAATGC 780  
 TTTTCATATTG ACTCTCACAT AATAATCAAC AGGTACATTC ATGGTAGCTT CTACCGAATC 840  
 CATTGCGGCA ATTGGACCAC CATATGCATG TGCATGGGTA ATCTTATCGT AATAGCCAAC 900  
 15 TTTAGGAATG TAGCTGATAG TATCACGTGG AATACTAAGC ATTCTAATTT GATGTTTTGA 960  
 TTGATTAAAA GTAGTTAAAA TCATAGCGTC TGATCTAGAG TGTTTCAGCAT CCTGTCCTTT 1020  
 20 TTTTCTTCTT CCATCGTTAT CATCGATACC TAAGAAAAGA ATAGAGATAG GTTGTTCTTC 1080  
 GGGATGACTT TATTATCTCT TAAGTTGGAT TGACGTTAGC ATTTTGTCTG TCTTGAGAAG 1140  
 A 1141

25 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 527:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1565 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 30 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

35 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 527:

GCACCATTAG CATTGGGChC ACTGATTGGA GTAnCAGTTG TTGAAAATTC GGCGCCAACA 60  
 AGTAAACmGG CmCaGGCaGC mATAmCCCCa TATTATAcTT ATAATGGTTA TATTGGTAAT 120  
 40 AATGCTAATT TTATTCTGGA TAAGAATTTT ATTAACGCGA TTAAGTATGA TAATGTGAAA 180  
 TTCAATGGTA TTAAATTAGC TAAAACGAAT ACGATAAAAA AAGTAGAGAA ATATGATCAA 240  
 ACTTTTAAAG GTGTTTCTGC AAAAGGAAAC GAAGCAAGTC AATTGCAATT TGTAGTTAAA 300  
 45 AATAATATTT CATTAAAAGA TATCCAAAAA GCTTATGGCA AGGACTTGAA AAAAGAAAAT 360  
 GGTAACAACAA AGGAAGCTGA TAGCGGTATT TTTTACTATC AAAATGCTAA AAAGACATTA 420  
 GGCATCTGGT TTGTCGTTGA TCATAATAGA GTTGTCGAAG TAACAGTTGG ACATACACCA 480  
 50 TACAAAACAA GTAAATAAAA TAATGGCATA TTAAGGCTAG AGTGTGAGGA GTGATACCGC 540  
 ATTCTAGTCT TTTTATTAA ATAATAACGA TTATTGCGTC TTACATAGTT GTTGAAATT 600

55

5 GATTAAGTAT ATAGAGCACT ATTTTGTATT TGTTAATATT TTCACAAAAA TAAAGCCTTG 720  
 ATAAATTTTA AAATATAATT AAGCTCAATT TTTAAATTT TATTTAGCTA CAGATAACAT 780  
 10 TTTTAAAAAA GAAAAGAATC AATAAATAAA ATCAACGAAC AAAAAGTATA GAAATAAATA 840  
 GAAATAATCA TTTACTTTTC TGAAAAATTA AATTAATATT TTATTTATAA GCTGTTTTTA 900  
 AGATTTTCAGG AGGAATGAAA TGTGaGGAAA TTTTCAAGAT ATGCATTTAC AAGTATGGCA 960  
 15 GCATTAACCT TGTTGAGCAC TTTATCACCA GCAGCATTAG CGATTGATTC AAAAAATAAA 1020  
 CCAGCTAATT CTGATATTAA ATTTGAGGTG ACTCAAAAGA GTGATGCGGT CAAAGCATT 1080  
 AAAGAATTGC CTAAATCCGA AAATGTAAAA AATATTTATC AAGATTACGC TGTTACTGAT 1140  
 GTAAAACTG ATAAAAAAGG ATTTACGCAT TATACATTGC AACCGAGTGT TGATGGTGTT 1200  
 CATGCACCTG aCAAAGAAGT GAAAGTACAC GCAGACAAAT CAGGAAAAGT CGTTTTAATC 1260  
 20 AATGGGGATA CTGATGCGAA GAAAGTAAAG CCAACGAATA AAGTGACATT AAGTAAAGAT 1320  
 GACGCAGCCG ACAAAGCATT TAAAGCAGTT AAGATTGATA AGAATAAAGC GAAAAATCTT 1380  
 aAAGATAAAG TCATTAAAGA rAACAAAGTT GAAATCGATG GTGACAGTAA TAAATACGTT 1440  
 25 TATAATGTTG AGTTAATTAC AGTGACACCA GAAATTTTAC ATTGGAAAGT TAAATTGAT 1500  
 GCTCAAACCTG GCGAAATTTT AGAAAAAATG AACTTAGTTA AAGAAGCTGC AGAAACTGGT 1560  
 AAAGG 1565

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 528:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2870 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 528:

40 GGATAGGTAA ATCCATTCAA AATTGGTTGT ACTCATTTTA AATCATATTT TTAAATATAG 60  
 AAACACATAA TTAAAGGAGT GATGATATTA ATGAATAAAC TTCGAGACAC TACTTTTCTA 120  
 45 TCATATTTAT TTACTATCAT ATTGTGGGGA TCTGCATTTT CAATGATAAA GATTGCGTTA 180  
 AATGATTTTA GTGCAGAATC ATTGTGCGCA TTTCGTTTAA TTTTAGCAAC AATAATTCTC 240  
 TGCCCGTTCT TAATTATAAA GAAATTGCCT ACCCCTGAAC TAAGAGATAT CCCTGTTATT 300  
 50 TTTATTTTAG GATTTTGTGG ATTTGTGATA TATCACACAG CTTTAAATTT TGGTGAAaCT 360  
 TTGATTAGTG CAGGTATatC TGGrATTcyA GTCTCTACAA CGCCTATTTT TTCTAGTGCT 420

55

	GCATTTATAG GAATATCCAT TATTTCAATA AGTAAAGATG ATTACACAAC TATTAATGTA	540
	TTAGGTGTTT TTATTATTTT ACTTGCATCT TTTAGTGAAA GTTTGTATTT TACTTTCCAG	600
5	AAAAAATACA TAGAAAAATA CGGCTTCATC GCTTTCACAC TATaTACAAT AATGGCAAGC	660
	TCACCATTTA TGCTTATTTT TATTCCTGAA ATCATCAACG ATATACACGG CGCCACTTTT	720
	ACATCAATAG TATCGGTACT TTATTTAGCT ATATTCCTTA CTATAATTCC ATACGTTTTG	780
10	CTTGCTTATA TTGTGAAGTC AGTTGGTGTC TCTGATGCAA CAATGTCTCT TTATTTAACA	840
	CCTATCGTTT CTTTATTATT ATCTTATCTG TTATTAGACG AGCTACCAAC AACCTTGCT	900
	ATTATAGGCG GAATTATCAC TCTACTAGGC GTTAGTTTAA GTAACCTCTT TCAAAATACA	960
15	TAATTATTCC AAGTCCCGCA CCTCAGAATC CAAAAACATT CGACTGATAA AATTTTAAAA	1020
	ATCAAAAATA TAAAAATGAT CTAATTTTCGT CAAATTTACC AATATAAATA CTAATATTTG	1080
20	CAATTCACAA AGGGGTATAG TCTGAGTGTA TTCTAATACG AAAGGACTTG GTGGATATGT	1140
	ATTACAGTTA TGGAAATTAT GAAGCATTG CGCGCCCTAA AAAACCTGAA AATGTAGAAA	1200
	ACAAATCCGC TTACTTAATC GGATCTGGTC TAGCTTCACT TGCTGCAGCT TGTTTTTTAA	1260
25	TAAGGGATGG TCAAATGGAA GGTTCGAAGA TTCATATTTT AGAAGAGTTA CCTAAAGCAG	1320
	GTGGTAGTCT TGATGGTGAA AATATGCCTT TAAAAGGCTA TGTTGTCCGC GGTGGTCGTG	1380
	AAATGGAGAA CCACTTTGAA TGTTTGTGGG ACTTATTCAG ATCTATCCCT TCATTAGAAA	1440
30	TCGATAACGC GTCTGTATTA GATGAGTTCT ATTGGCTAAA CAAAGAAGAC CCTAACTATT	1500
	CTCGCTGTCG TGTTATTGAG AAACAGGGTC AACGTTTAGT CACAGACGGA GACTTCACTT	1560
	TGACTAAAAC GGCGATTAAA GAAATTTTAG ATTTATGCTT AACGAATGAA GAAGATTTAG	1620
35	ATGATGTCAA AATAACAGAT GTATTTTCCG ATGACTTCTT TAATTCAAAC TTTTGGATTT	1680
	ACTGGAAAAC GATGTTTGCA TTTGAACCGT GGCATTCTGC AATGGAAATG CGTCGCTATC	1740
40	TAATGCGATT CGTTCATCAT ATTAGTGGTC TCGCAGACTT TTCAGCTTTA AAATTCACTA	1800
	AATATAATCA ATATGAATCT TTAGTATTAC CTATGGTTGA ATATTTAAAA TCGCATGGGG	1860
	TTCAATTTGA ATACGATGTA AAAGTCGAAG ATATTAAAAT AGATGTTACG ACAAGTCAAA	1920
45	AAATTGCCCC AGAAATATTA ATTGACCGTA ATGGTAATGC AGAATCTATT AAACGACTA	1980
	TAAACGATCT TGTCTTTGTG ACAAACGGTA GTATTACAGA AAGCTCTACT TATGGTGATA	2040
	ATGATACACC AGCGCCACCA ACTGACGAAT TAGGTGGTAG TTGGACACTA TGGAAAAATT	2100
50	TAGCGCGACA AAGTCCTGAA TTTGGTAATC CTGATAAGTT TTGCCAAAAT ATTCCTAAAA	2160
	AAAGTTGGTT TGTTTCAGCA ACTTCTACAA CAAACAATAA AGAGATTATC GATACAATAG	2220

55

TCAATGATTC TGCATGGCAA ATGAGTTTTC CAATCAATCG TCAGCAACAG TTTAAAGACC 2340  
 AACCTGAAAA TGAAATATCT ACATGGATTT ATGCCTTATA TTCAGATGTA AACGGCGATT 2400  
 5 ATATTAAAAA GCCAATTACA GAATGTAGTG GTAATGAAAT ATGCCAAGAA TGGCTGTATC 2460  
 ACTTAGGTGT ATCAACTGAC AAAATTGAAG ACTTAGCAAA ACATGCATCT AATACGATTC 2520  
 CTGTTTATAT GCCATATATC ACATCTTATT TCATGACGCG TGCTATCGGC GACAGACCTT 2580  
 10 TAGTCGTCCC GCATCAATCT CAGAACTTAG CATTATTGG TAACTTTGCA GAAACAGAGC 2640  
 GAGACACTGT ATTTACAACA GAATATTCGG TTCGTACTGC CATGGAAGCT GTTTATCAAT 2700  
 TACTAAATAT AGATCGTGGT ATTCCAGAAG TCATCAATAG TCCATTTGAT CTTGCGGTCT 2760  
 15 TAATGGATGC CATATACGAA CTGAATGACC ACCAAGATTT GCGTGAGATT ACTAAAGATT 2820  
 CGAAAATGCA AAAACTCGCA TTAGCAGGAT TCCTTAAAAA GATAAAAGGT 2870

20 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 529:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 3105 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 529:

30 CnGTTTAGCT GCAAAAAGTA AATAACGACA CTGTATTGGA AATTTTGCAA TTAGAAACAC 60  
 TTTTGGGTGA CATTAACTCA ATTTTCAGCG AGATTGAAAG CGAATACAAA ATGTCTAGAG 120  
 AAGAAATTTT AATTTTACTA ACTTTATGGC AAAAAGGTTC TATGACGCTT AAAGAAATGG 180  
 35 ACAGATTTGT TGAAGTTAAA CCGTATAAGC GTACGAGAAC GTATAATAAT TTAGTTGAAT 240  
 TAGAATGGAT TTACAAAGAG CGTCCTGTTG ACGATGAAAG AACAGTTATT ATTCATTTCA 300  
 ATGAAAAGTT ACAACAAGAG AAAGTAGAGT TGTGTAATTT CATCAGTGAT GCGATTGCAA 360  
 GTAGAGCAAC AGCAATGCAA AATAGTTTAA ACGCAATTAT TGCTGTGTAA GTTTAATAGC 420  
 ATAAAAAGAG GTTTTCATTA AGTTGAAAAC CTCTTTTTGT TGTGTCATT AATTTTCAA 480  
 45 ATGTTGACTA CTCAATCCTA AATTATAAAT AGTATAGCGC aCAAaTGCTT AAGAAATTTT 540  
 TTCTATGGCA CAAATGAATG GAGCATGATT ACGTTGGTTT AAAAATTGAT ATTGCAAAAC 600  
 TTGCGCATGC TTTTGATCCA AAGTACTCAA GTAATCAAGC AATGCATGCT TCTCAATTG 660  
 50 TCCTTCGCTA TGACCATGAT ATATAACAAG TACAATAATA CCTTCAATTG ACATTAATGA 720  
 TAGCAATGAA TTAATAGCTT GGATTGTCGT GTCAGGCTTT GTCACGATAG ATTTATCACC 780

55

	TATATGATGT TCAATATTTT CATGTCCATC TTTTATTAAA GAAACATGAT TGAAATCCTT	900
	AACTTTATCA CGTGTATTTT CCAAAGCTAA ATCTTGAATG TCGAAACCAT AAACATGTCC	960
5	TTCTGGTACT TGTTCCGGCTA AAAATAAAGT GTCATTGCCG TTACCGCAAG TTGCGTCTAC	1020
	AACAATACTT TCTGGTGTTA TATGTTGTTT AATAAGTGTT TTTGAAAAAG GGAGTATACG	1080
	TTCTAATTTT ATTGCTTCAC CTTAGACTTG TAACGCAAGC CTTGATAAGA ATTTCTACGT	1140
10	GCTAATTCAG CATCGATGCC ATTTAATACT TCCCATTTAT TAACACTCCA CATTGGACCT	1200
	ACCATGATAT CTATTGGACC ATCACC GGTA ATTCGGTGAA CGATCATTTT AGGGGGAATC	1260
15	ACTTCTAATT GGTCCACAAC TAGGTTTGTG TACTCTTCTT GAGTCATAAA AGTTAATAAA	1320
	CCTTTATCGT ATTGTTTTAC CATCGGTGTA CCTTTTAACA AATGAAGTAA ATGAATTTTA	1380
	ATACCTTGTA CATCCATTTG TGCACTTCTT TGGCAGTAGC CATCATCATG TCATAGTCTT	1440
20	CGCCAGGTAA GCCATTAATG ATGTGTGTAC ATACATTGAT ATTATGCTTA CGTAATTTTG	1500
	CCACACCATC ATAATAAGTT TTCATATCAT GGGCACGATT GATTAAATCA GATGTTGACT	1560
	GATGGATTGT TTGTAGTCCT AATTCAACCC ATAAGTATGT TCGTTGATTC AAATCTGCTA	1620
25	AATATTCGAC AACATCGTCT GGTAGACAGT CAGGACGCGT ACCAATAGAT AATCCCACAA	1680
	CACCCGGTTC TTTAAGTACA GGTTTGAATT TTTCTTTTAA TACTTCAACC GGTGCATGTG	1740
	TATTTGTAAA TGCCTGAAAA TAAGCAATAT ATTTTCCTTC GTGCCATTTT TCATGCATCT	1800
30	TTTCTTTAAT TTCTTTAAAT TGTACTGCGA TTGAATCTGC ACGATTACCT GCAAAGTCTC	1860
	CGCTACCTGC AGCAGAACAA AATGTACATC CACCATGTGC TACAGTGCCA TCGCGGTTAG	1920
35	GACAGTCAAA CCCGCCATCC AATGCAACTT TAAATATTTT TTGTCCAAAT TTATTTTTTA	1980
	AATGGTAATT CCATGTGTGA TAACGTTTGT TTTCAAAAGC GTATTGGAAA TGATTGCCCA	2040
	TATGTCATTT TCCTTTCTAT AAAAAAGAG TTCTAAGTAC AGATTTTAAC ATATTTTAAT	2100
40	GTTATAGTGT TTATTATAGT TTGACAAAAA AGAGAGAGGA ACTATGAAAT ATGAATATAC	2160
	CTAAATCAGT CTGGTGGCTA GTAATTGGCA TGGCGTTAAA TATTACTGGT TCCAGTTTTT	2220
	TGTGGCCTTT AAATACAATT TATATGAAAC AAGAACTTGG AAAAAGTTTA ACTGTTGCTG	2280
45	GTTTAGTGCT AATGATAAAT TCATTGGCA TGGTTATTGG AAAC TTATTA GGTGGTTCAC	2340
	TATTTGATAA ATTAGGTGGA TACAAGACGA TTTTAATTGG AACTTTCACT TGTCTTGTA	2400
	GTACAACGCT ACTTAATTTT TTTCACGGGT GGCCTTGGTA TGCTGTATGG CTTGTAATGT	2460
50	TAGGGTTTGG TGGCGGAATG ATTATTCCTG CGATATACGC TATGGCTGGA GCAGTGTGGC	2520
	CAAATGGCGG AAGACAAACG TTTAATGCGA TATACTTAGC GCAAAATATT GGTGTGGCTG	2580
55		

ATCTTATTAT GTATGTTGTG TTTGCGCTTG TCGCGGTAAC GCAATTTAAT ATTGAAATTA 2700  
 ATGCGAAAGT TAAATATCCA ACTCATTTAG ATATTACTGG TAAAAAGAAT AAAGCAAGAT 2760  
 5 TTATTTTCATT AGTACTAATT TGTGCAATGT TTGCAATTTG TTGGGTTGCA TATATTCAAT 2820  
 GGGAGTCTAC AATCGCTTCA TTTACACAAT CTATTAATAT TTCAATGGCA CAATATAGTG 2880  
 TTTTATGGAC AATTAACGGA ATAATGATTT TAGTAGCACA ACCATTAATT AAACCGATTC 2940  
 10 TCTATCTGTT AAAAGGAAAC TTAAAGAAGC AAATGTTTGT CGGCATCATC ATTTTATGT 3000  
 TGTCGTTCTT TGTCACGAGT TTTGCCGAAA ACTTTACAAT ATTTGyTGTC GGTATGATTA 3060  
 TTTTAACTTT TGGAGaATGT TTGTATGGCC AGCAGTTCCA ACTAT 3105  
 15

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 530:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 5532 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear  
 20

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 530:

TAATGATTAA ACCAGATGCA GTACAAAGAA ATCTAATTGG TGAAGTAATT TCAAGAATTG 60  
 AAAGAAAAGG ACTAAACTT GTCGGTGGTA AATTAATGCA AGTACCAATG GAACTTGCTG 120  
 30 AAACACATTA TGGTGAACAC CAAGGTAAAC CATTTTATAA TGATTTAATT TCATTTATTA 180  
 CATCAGCACC AGTGTTCCGA ATGGTAGTTG AAGGTGAAGA TGCAGTTAAT GTATCTAGAC 240  
 ATATTATTGG CAGCACCAAT CCTTCAGAAG CTTACCAGG ATCAATTAGA GGTGATTTAG 300  
 35 GTTTAACTGT TGGTAGAAAT ATCATTCACG GTTCAGATTC ATTAGAGTCT GCTGAACGTG 360  
 AAATTAATCT ATGGTTTAAT GAAAATGAAA TTACTAGCTA TGCTTCACCA CGTGATGCAT 420  
 40 GGTTATATGA ATAAAATATA AACTGTAAAC CTTTACGATT TATTTATAAA GGTAGAAAGG 480  
 GTTTTGTTAT GTGGTTAGTC ATTATGaTTA TACATAACAA GGCCCGTTTT TTATGTTGTA 540  
 GTAAATTACT TGAAAAATTT TATAGTTTTT kGGTAACaCG TAtTaAAAAaG AGAGGAATAT 600  
 45 TCTTTATCAA ATGAAACTAA ACAGAGAGAA GGGGTTGTTA AAATGAAGaAA TATTATTTCC 660  
 ATTATTTkGG GGATTTTAAT GTTCTTAAAA TTAATGGAAT TACTATATGG TGCTATATTT 720  
 TTAGATAAAC CACTTAATCC TATAACAAAA ATTATTTTTA TACTGACTCT CATTTATATT 780  
 50 TTTTATGTAT TAGTAAAAGA ATTGATTATA TTTTGTaAGT CAAAGTATAA CAAAAGCGCT 840  
 TAACATATGT ATATTTTAAT ATCATAATTT TTTTAAACGG ACTGATTAAC TTTATTAATA 900  
 55



	GATACGATTA TATTAAAACG GCTAATCATT TTTAATTAAT GATTATATGA TGCAACTGTT	1020	
	TAGAAATTCA TGATACTTTT CTACAGACGA ATATATTATA ATTAATTTTA GTTCGTTTAA	1080	
5	TATTAAGATA ATTCTGACAT TTAAAATGAG ATGTCATCCA TTTTCTTAAT TGAGCTTGAA	1140	
	AACAAACATT TATGAATGCA CAATGAATAT GATAAGATTA ACAACATATT ATAATGTTAT	1200	
	CGTGGAAGTA TGAAAGGAGC GAGTGTGTAT GAGATACCTA ACATCAGGAG AATCACATGG	1260	
10	ACCTCAATTA ACAGTTATTG TTGAAGGTGT ACCTGCAAAT ATAGAAATTA AGGTTGAGGA	1320	
	TATTAATAAA GAAATGTTTA AGCGTCAAGG CGGTTACGGA CGTGGACGTC GTATGCAAAT	1380	
	TGAGAAAGAT ACAGTAGAAA TAGTATCAGG CGTTAGAAAT GGTATACAT TAGGTAGTCC	1440	
15	AATTACTATG GTTGTAACCA ATGATGACTT TACGCATTGG AGAAAAATTA TGGGAGCAGC	1500	
	TCCAATAAGT GAAGAAGAAC GTGAAAATAT GAAACGTAAT ATTACAAAAC CAAGACCTGG	1560	
20	TCATGCAGAT TTGGTTGGAG GTATGAAATA TAATCATCGT GATTTACGAA ATGTGCTAGA	1620	
	GCGATCATCT GCTAGAGAAA CAGCAGCTCG AGTTGCAGTC GGTGCCTTAT GTAAAGTGTT	1680	
	ATTACAACAG TTAGATATCG ATATATACAG TCGTGTTGTT GAAATAGGTG GAATTAAAGA	1740	
25	TAAAGATTTT TATGATTCAG AAACATTTAA AGCAAATCTT GATCGTAATG ATGTTGCTGT	1800	
	AATTGATGAC AGTATCGCAC AAGCAATGCG AGATAAAATT GACGAAGCTA AAAATGAAGG	1860	
	AGATTCAATT GCGGGTGTCTG TTCAAGTTGT AGTTGAAAAT ATGCCTGTTG GTGTAGGTAG	1920	
30	TTATGTGCAT TATGATCGTA AGTTAGATGG TAAGATTGCA CAAGGTGTTG TCAGCATAAA	1980	
	TGCTTTTAAA GGTGTAAGCT TTGGTGAAGG ATTTAAAGCA GCTGAAAAGC CAGGTAGTGA	2040	
35	GATTCAAGAT GAAATTCTAT ATAATAGTGA AATTGGTTAT TATCGTGGAT CTAATCACTT	2100	
	3GTGGTTTA GAAGGCGGTA TGTCAAATGG AATGCCAAT ATCGTTAATG GTGTAATGAA --- 2160 ---		
	CCAATTCCA ACGTTATATA AACCATTAAA TTCAGTAGAC ATTAATACTA AAGAAGACTT	2220	
	AAAGCAACA ATTGAACGTT CTGATAGTTG TGCTGTTTCT GCAGCAAGTA TCGTCTGCGA	2280	40
	CATGTCGTA GCATTTGAAA TAGCAAAAGC ATTATTGGAA GAATTCCAAT CAAATCATAT	2340	
	GAGCAACTT AAACAACAAA TTATTGAGCG CAGACAATTA AATATTGAGT TTTAACAACA	2400	
	GAACAATTG AGGTGTAATC ATGAAATTAC AAACAACATA CCCTTCAAAT AATTATCCAA	2460	45
	ATATGTTGA ACACGGTGCA ATTGACCATA TTAGCACGTA TATTGATCAG TTTGATCAAA	2520	
	TTTTATATT AATTGACGAG CATGTAAATC AATATTTTGC TGATAAATTT GATGATATTT	2580	
	ATCATATGA AAATGTACAT AAAGTTATTA TTCCAGCTGG TGAAAAGACG AAAACATTTG	2640	50
	GCAATATCA AGAAACATTA GAGTATATTT TATCCCATCA TGTAACCTCGT AATACAGCAA	2700	

EP 0 786 519 A2

	ACGAGGCGTG	CACTTTATAC	AAGTGCCAAC	GACTATACTA	GCGCATGATT	CTAGTGTTGG	2820
	CGGTAAAGTG	GGTATTAAC	CAAAGCAAGG	TAAAAACCTT	ATCGGTGCAT	TTTATCGTCC	2880
5	AACTGCTGTG	ATTTATGATT	TAGTCTTTTT	AAAGACGTTA	CCATTTGAGC	AAATATTAAG	2940
	TGGCTATGCA	GAAGTTTATA	AGCATGCGTT	ATTGAATGGT	GAATCAGCGA	CGCAAGATAT	3000
	CGAACAGCAC	TTTAAAGATA	GAGAGATATT	ACAGTCATTA	AATGGTATGG	ATAAATATAT	3060
10	TGCTAAAGGT	ATTGAAACGA	AGCTGGATAT	TGTTATTGCA	GATGAAAAAG	AACAAGGTGT	3120
	ACGTAAATTT	TTAAATTTAG	GTCATACATT	TGGTCATGCT	GTTGAATACT	ATCATAAAAT	3180
	ACCTCATGGT	CATGCAGTGA	TGGTTGGCAT	TATCTATCAA	TTTATAGTTG	CGAATGCTTT	3240
15	GTTTGATTCT	AAGCATGATA	TTAATCATTA	TATTCAATAT	TTAATACAAC	TCGGCTATCC	3300
	TTTAGACATG	ATAACTGACT	TGGATTTTGA	AACGTTATAC	CAATATATGC	TAAGTGATAA	3360
20	AAAGAATGAT	AAGCAAGGTG	TACAAATGGT	CTTGATTAGA	CAATTTGGAG	ATATCGTTGT	3420
	ACAACATGTT	GATCAACTAA	CATTACAACA	TGCATGTGAA	CAATTAAAAA	CATATTTTAA	3480
	GTAGGTGAAT	GAAATGGTAA	ATGAACAAAT	CATTGATATT	TCAGGTCCGT	TAAAGGGCGA	3540
25	AATAGAAGTG	CCGGGCGATA	AGTCAATGAC	ACACCGTGCA	ATCATGTTGG	CGTCGCTAGC	3600
	TGAAGGTGTA	TCTACTATAT	ATAAGCCACT	ACTTGGCGAA	GATTGTCGTC	GTACGATGGA	3660
	CATTTTCCGA	CTGTTAGGTG	TAGAAATCAA	AGAAGATGAT	GAAAAATTAG	TTGTGACTTC	3720
30	CCCAGGATAT	CAATCTTTTA	ACACGCCACA	TCAAGTATTG	TATACAGGTA	ATTCTGGTAC	3780
	GACAACACGA	TTATTGGCAG	GTTTGTTAAG	TGGTTTAGGT	ATTGAAAGTG	TTTTGTCTGG	3840
	CGATGTTTCA	ATTGGTAAAA	GGCCAATGGA	TCGTGTCTTG	AGACCATTGA	AACTTATGGA	3900
35	TGCGAATATT	GAAGGTATTG	AAGATAATTA	TACACCATTA	ATTATTAAGC	CATCTGTCAT	3960
	AAAAGGTATA	AATTATCAAA	TGGAAGTTGC	AAGTGCACAA	GTAAAAAGTG	CCATTTTATT	4020
40	TGCAAGTTTG	TTTTCTAAGG	AACCGACCAT	CATTAAAGAA	TTAGATGTAA	GTCGAAATCA	4080
	TACTGAGACG	ATGTTCAAAC	ATTTTAATAT	TCCAATTGAA	GCAGAAGGGT	TATCAATTAA	4140
	TACAACCCCT	GAAGCAATTC	GATACATTAA	ACCTGCAGAT	TTTCATGTTC	CTGGCGATAT	4200
45	TTCATCTGCA	GCGTTCTTTA	TTGTTGCAGC	ACTTATCACA	CCAGGAAGTG	ATGTAACAAT	4260
	TCATAATGTT	GGAATCAATC	CAACACGTTT	AGGTATTATT	GATATTGTTG	AAAAAATGGG	4320
	CGGTAATATC	CAACTTTTCA	ATCAAACAAC	TGGTGCTGAA	CCTACTGCTT	CTATTCGTAT	4380
50	TCAATACACA	CCAATGCTTC	AACCAATAAC	AATCGAAGGA	GAATTAGTTC	CAAAAGCAAT	4440
	TGATGAACTG	CCTGTAATAG	CATTACTTTG	TACACAAGCA	GTTGGCACGA	GTACAATTAA	4500
55							

5 AACTTGTTA GGGTTTGAAT TACAACCAAC TAATGATGGA TTGATTATTC ATCCGTCAGA 4620  
 ATTTAAAACA AATGCAACAG TTGATAGTTT AACTGATCAT CGAATAGGAA TGATGCTTGC 4680  
 AGTTGCTTCT CTACTTTCAA GCGAGCCTGT CAAAATCAAA CAATTTGATG CTGTAAATGT 4740  
 ATCATTTCCTA GGATTTTTTAC CAAAACCTAAA GCTTTTAGAA AATGAGGGAT AATATAAAAT 4800  
 10 GGAAGATATC TATAAATTAA TAGACGATAT CAATCTACAA AACTAGAAA ATTTAGACTC 4860  
 TCGTGTTAAT GAAGCAATAA CTACTGACAA CGATGACGCA TTATTTATTC TAGGAGAGAC 4920  
 ACTTTACAAT TTTGGATTAA TGCCaCAAGG TTTGGAAGTA TTCCGCGTGT TATATCACAA 4980  
 ATATCCAGAC GAAAGTGAAT TGCTGATTAA TTTTATTGAA GGTTTAATGT CTGAAAATCA 5040  
 15 AACTGACGAA GCGTTAGAAT ATTTAAGTTA TGTGGAACCA TCACCTGAAA AGTTGATGTT 5100  
 AGAAGCAGAT TTATATCAAC AAATTAATAT GATGGAAGTT GCTATTGATA AATTACAAGA 5160  
 20 AGCACTTGAA CTAGAGCCAA ATGATCCAAT AATCCATTTT GCATTGGCTG AAATGTTATA 5220  
 TTATGATGGT CAATATTTAC GTGCTACCTC TGAATACGAA ACCGTTTTAG AACTGGTGA 5280  
 ATATCAAGTT AATGGTGTA ACTTATTCTC TCGTATGGCA GATTGTAGTT TACAAAGTGG 5340  
 25 kAACTATAGT GATkCcGATc CgCTTATACG ATGrAATTAA TGAAGATGAA ATGACTTCAG 5400  
 AAGATTATCT CAAAAGAGCC ATTTCTnACG ATAAAAATGA CATCACTCAA GAAGCAATTA 5460  
 AAATAATGAC TACATTACTT TCTAAAGATC CTGATTATAT TCAAgGCTAC TTGTATTTAC 5520  
 30 aATCaTTATA TG 5532

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 531:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 942 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 531:

AATTGGGTTA TACTATAGGT AAATTTAAGG AGGTAAGAAA ATGGATAAAA AAGAATTAGC 60  
 45 GAAATTTATA GGCAATAAAA TCAGATACTA TAGAACCaaa TTGaaCTTAA CTCAAGATCa 120  
 ACTTGAGAGAA AACTCmACa CTAAAAArGC TACTATTTCA AATTATGAGA CAGGGTACAG 180  
 AACTCCTAAA CAAGATGATT TGTTTGAAAT TGCTCATATT TTAAATATCA GTATCGATGA 240  
 50 TTTGTTTCCT ACAAGAAATA ATAAAAAAA CGACATCACT TCCATATACA ACAAACTCAC 300  
 ACCTCCCCGC CAAGAAAACG TACTTAACTA CGCAAATGAG CAATTAGATG AACAGAATAA 360

55

AACTGGTGCT GGCATAGGAG AAGAATTATA TGATGACATA TTGCATGAAG AAGTATTTTT 480  
TAAAGAAGAC GAAACGCCAT CAAATGCTGA TTTTGTATT TTAGTTAATG GTGATTCAAT 540  
5 GGAACCTATG TTAAAACAAG GAACATACGC TTTTATTAAG AAAGAAGATT CTATTAAAGA 600  
TGGTACAATT GCACTCGTTG TATTAGATGG AGTAAGTCTT ATCAAGCGTG TAGATATATG 660  
CGAAGACTAT ATTAATTTGG TATCTCTAAA TCCGAAGTAT GATGATATCA AAGTCGCTTC 720  
10 GTTTAGTAAT ATTAAAGTAA TGGGCAAAGT TGTATTGTGA TTAATAGCGC CTATATGGCA 780  
CTTTAATATA AAAGACGTCT ATTTACAGCAG TGTTTAAAAG GAGTTTATAA TGAAAATAAC 840  
TAATTGCAAA ATAAAAAAG AAAGTATAGT ATATGAAGTT TTAAGTAGTG GTAATCAACC 900  
15 ATTCACCTAT GAGTTACCTA AAGATTTATC GTCACATAAT GC 942

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 532:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 417 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 532:

TGGnAAATGC AAACCAAAAT ATGaTCCTCG TGcAAGTTGA AGCGGGACGT TATGAAGAAT 60  
30 GGGTAAAGAA TGGTTATTTT AAACCGTCAG AAGATAAATC AAAAGAAACA TATACAATTG 120  
TTATCCCGCC ACCAAATGTA ACTGGTAAAT TACATTTAGG ACATGCATGG GATACGACTT 180  
TACAAGATAT CATTACACGT ATGAAACGTA TGCAAGGATA CGATACGTTA TACTTACCAG 240  
35 GTATGGATCA TGCTGGTATT GCGACACAGG CAAAGGTAGA AGCTAAATTA AATGAACAAG 300  
GAATAACTAG ATATGATCTT GGTCGTGAAA AGTTTTTAGA ACAGGCATGG GATTGGAAAG 360  
40 AAGAGTATGC GTCATTTATT CGTGCGCAAT GGGCTAAATT AGGTCTAGGT TTAGATT 417

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 533:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 733 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 533:

GATCCTGAAC CCGCATTTGT TTCCACTAAA ACAGTATGCC CACTTTCTAC TAAAGCGTGC 60

ATTTTCATAC CATCCACCTC CATAATCATC TTAACGCGAA CATTTTGAAA GCGCAATCAA 180  
 AAATCCACAA AATTGTAAAG GTTATTACAC TGACTTTTCC GAAAATTGTG GTAAAATATA 240  
 5 ATTAAGAAAG AACCAAGGAGG CACTTACTAT GATTACTTAC AAAAATATTT TAATCGCAGT 300  
 TGACGGTTCA CATGAAGCGG AATGGGCATT TAACAGAGCA GTTGGTGTG CTAAACGTAA 360  
 CGATGCGAAG TTAACAATTG TGAATGTAAT TGATTCAAGA ACGTATTCTT CTTATGAAGT 420  
 10 TTATGATGCT CAATTTACTG AAAAATCTAA GCATTTTGCA GAAGAATTAT TAAATGGTTA 480  
 TAAAGAAGTA GCTACTAACG CTGGTGTTAA AGATGTAGAA ACGCGTCTAG AGTTTGGyTC 540  
 15 TCyTAAATCT ATCATTCCTA AAAAGCTTGC ACATGAAATT AATGCAGACT TGATTATGAG 600  
 TGGTACATCA GGCTTAAATG CCGTGGAAGg ATTTATTGTT GGTTCGTAT CAGAATCTAT 660  
 CGTTCGTCAT GCGCCATGTG ACGTGTTAGT TGTTCTGACT GAAGAGTTAC CAGCAGACTT 720  
 20 CCAACCACAA GTT 733

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 534:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

25 (A) LENGTH: 6060 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 534:

30 TGATGATCCT GAAGCGCTAT TGGATAATTA CAACACTGAA GATGTTGATG CACACAATTA 60  
 35 CAATAATATA AATCATGTTA TTTTGCCTG CGATGCGGGT ATGGGTCTTA GTGCAATGGG 120  
 TGCArGCATG TTACGTAATA AATTAAAAA GGCGGGCATT AATGATATTA CAGTTACAAA 180  
 TACTGCGATT AATCAATTGC CAAAAGATGC TCAATTAGTT ATCACTCAGA AAAAATAAC 240  
 40 TGATCGTGCT ATTAAACAAA CACCAAATGC CATCCATATT TCAGTGGATA ATTTCTTAA 300  
 TTCACCAAGA TATGAAGAAC TTTTAAATAA TCTAAAAAAA GATGATCAAG CATAATAATT 360  
 AAATAAATTA AAAAATGGAG GATACCGCCA TGTTATTGAG TACACGTGAA AAAGAAATGA 420  
 45 TAGCCcAtT GATTAAGTAC CACGGtCAAt ATATCACTAT ACACGACATT GCTCAGCAAC 480  
 TTGCGGTGTC CTCTCGTACT ATTCACCGTG AATTAAAAGG TGTTGAAGCA TATTTAACTT 540  
 CATTTTCATT AACTTTAGAA CGCGCAAACA AAAAAGGGcT ACGCATTGCT GGCACAGATT 600  
 50 CTGATTTAAA CGATTTGAAG CAATCGATTG CACAACATCA AACCATTGAC TTATCTGTTG 660  
 AAGAGCAGAA AGTAATTATT ATATACGCTT TGATACAAGC CAAGGAGCCA GTTAAACAAT 720

55

	TAGAGCTTGA TTAAATAAG TACCAACTAT CTTTATCTCG AAAGCGTGGC GAAGGCATTT	840
	ACTTGGTAGG TACTGAATCA AAGAAACGTG AATTTTAAAG TCAATTAATG GTGAATAACT	900
5	TAAATAGTAC TAGCGTTTAT TCAGTAATTG AAAATCATT TGTCTTTCAT TCATTAAATC	960
	AAATCCACAA AGACTTTGTT GACTTAGAGC GCATTTTTTAA TGTTGAAAGA CtATTaATGG	1020
	ACTACCTAAG TGCCTTACCC TACCAACTTA CCGAATCAAG TTATTTAACT TTAAGTGTCC	1080
10	ATATCGTGCT CTCCATTTCA CGTATAAAAA ATGGAGAGtA TGTCGCATTA AACGATGATA	1140
	TTTATGATT C TGTACAAAAC ACATTTGAAC ACAAAGTgGc AAGCGAACTT GCTGATAAAC	1200
	TTGGTCAAAT ATATGACGTC ACGTTTAATC AGGCAGAAAT TGCTTTTCATT ACTATCCATT	1260
15	TACGTGGAGC TAAACGAAAA AATCTTAATG ATACATCATT AAATAATCGT TGTGAAGAAA	1320
	ACAAAATTAA AGCGTTTGT T AACAAAGTAG AAATGATTT CCGTATGACA TTTGCAGATT	1380
20	TGGATACTTT AGTAGATGGA CTGACGCTAC ACCTTAATCC TGCAATCAAT CGTTTGCAAG	1440
	CTAATATCGA GACCTATAAT CCGTTAACAG ACATGATTAA GTTCAAATAT CCAAGACTAT	1500
	TTGAAAATGT AAGATTAGCT TTAAATGATT GTTGGCCTGA TTTGATTTT CCAGAGAGTG	1560
25	AAATTGCTTT TATAGTtTTA CACTTTGGTG GCTCGATTAA AAACCAAGGT AATCGATTTT	1620
	TAAACATATT AGTCGTTTGC AGCAGTGGTA TGGGAAGTAG TCGTCTATTA TCAACTCGTC	1680
	TAGAGCAAGT TTTTAGTGAG ATTGAGCGTA TTACACAAGC ATCAGTCAGC GATTTGAAGT	1740
30	CACTAGATTT AAGTCAATAT GATGGCATT TTTCTACTGT GAATTTAGAC ATCGACTCCC	1800
	CCTATTTAAC GGTAAACCCA TTATTACCAG ATAGTGATAT CAGTTATGTC GCACAGTTTT	1860
35	TAAATACAAA GTCTACGTT C AAGAGACGC ATGATAAATC ATCAAACATG ATTGATAAGG	1920
	ATGATGTTCA TGTTGAAACG AAAGATGTTG ATGGCAACAC ATCTTTTGAA AATGAACAAA	1980
	CTTCATACTT AACTTCAGTT TTCGAAAAAC ATTTAAGTGA CGAAAAATCA GAACAATTAT	2040
40	TGCATCATAT GCGTTCGGGT TTAAC TTTG C TTGATT CAGT GAAAATAGTT AGTACCGAAG	2100
	TTAAACAGTG GCAAACATAT ATCGCAGATT ATCTATATCA ATGCGATGTA ATAAACGATC	2160
	CAACGTCATT CGCTGAACTA CTAGAGCAAC GATTGATTGA CAATCCAGGA TGGATATTAA	2220
45	GTCCATATCC TGTTGCAATA CCACACCTAA GAGACAATAT GATTAAACAC CCTATGATT C	2280
	TAATCACAGT TTTAGAAGAA CCGTTAACAT TGCCTAGTAT TCAAAATGAC AATCAAACAA	2340
	TTAAATATAT GATTTCCATG TTTATTTCTG ACAATGATTT TATGGCATCA CTGGTAAGTG	2400
50	ACTTGTCCGA ATTTTAAAGT TTGAAATTAG AATCTATTGA TACTTTTATG GAAAATCCAC	2460
	AGGAACTTGA AACATTATTA AGAAACAAAT TTTTAGAACG AATTAAAAA CAATTTATTT	2520

55



	TAACAGCCAA AATGAAGCAA TTGAAAAGC AGGTAAAGCC TTAGTTGATA GTGGTGCTGT	2640
	AACAGATGCT TATATTCAAG CAATGAAAGA TCGTGAGCAA GTCGTATCAA CATTTATGGG	2700
5	AAATGGCTTA GCAATTCCTC ATGGCACAGA TGAAGCTAAA ACAAATGTGA TTCACTCAGG	2760
	TTTAACATTA TTACAAATCC CTGAAGGCGT TGACTGGGAT GGCGAAGTAG TTAAAGTTGT	2820
	CGTGGGAATT GCTGGTAAAG ATGGCGAACA TTTAGACTTG TTATCTAAAA TTGCAATTAC	2880
10	ATTTAGCGAA GAAGAAAATG TGGATCGTAT CGTTCAAGCA AAATCTGCAG AAGAAATTAA	2940
	ACAAGTATTC GAGGAGGCAG ATGCATAATG AAAGCAGTTC ACTTTGGTGC TGGTAACATA	3000
15	GGTCGTGGTT TCATTGGTTA TATTCTgCAG ACAACAATGT TAAAGTAACA TTTGCAGACG	3060
	TCAATGAAGA AATCATTAAAT GCTTTAGCTC ATGATCATCA ATACGATGTT ATTTTAGCTG	3120
	ATGAGTCTAA AACAACGACG CGCGTGAAtA ATGtTGATGC AATTAATTCA ATGCAACCTT	3180
20	CTGAAGCGTT GAAACAAGCA ATTCTAGAAG CTGATATTAT TACAACAGCT GTTGGTGTTA	3240
	ACATACTACC TATTATTGCT AAATCTTTTG CGCCTTTCTT AAAAGAAAAA ACAAACCATG	3300
	TTAATATTGT TGCTTGTGAG AATGCTATTA TGGCAACTGA TACATTGAAA AAAGCAGTAC	3360
25	TTGATATTAC TGGCCCTCTT GGTAACnaTA TTCATTTTGC TAACTCAGCA GTTGATAGAA	3420
	TTGTACCATT ACAAAGAAT GAAAATATAT TAGACGTTAT GGTTGAGCCA TTTTACGAAT	3480
	GGGTTGTTGA AAAAGATGCA TGGTATGGTC CAGAACTAAA CCATATTAAA TATGTTGATG	3540
30	ATTTAACACC ATATATTGAG CGTAAATTAT TAACTGTGAA TACAGGACAT GCATATTTAG	3600
	CGTATgCTGG tAAATTTGCA GGTAAGCTA CAGTTTTAGA TGCAGTTGAA GATAGTTCAA	3660
35	TTGAAGCTGG CTTACGCCGT GTTTTAGCTG AAAGTAGTCA ATATATTACT AATGAATTTG	3720
	ATTTTACTGA AGCGGAACAA GCTGGTTATG TTGAAAAAAT AATAGATCGT TTCAACAATT	3780
	CTTATTTATC TGATGAAGTA ACACGTGTCG GACGAGGTAC ATTACGTAAA ATTGGCCCTA	3840
40	AAGATAGAAT TATAAAACCA TTAACATATC TTTATAATAA AGATTTAGAA CGCACTGGTT	3900
	TATTAAATAC AGCTGCATTG TTATTGAAGT ATGATGATAC AGCAGACCAA GAAACTGTTG	3960
	AGAAAAATAA TTACATTAAA GAACACGGTT TAAAAGCGTT TTTAAGTGAA TATGCTAAAG	4020
45	TTGACGATGG CTTAGCCGAT GAAATAATTG AAGCGTACAA TTCACTTTCA TAATTTATTG	4080
	AGCTTTGTTT GAAACAAGAA GTTTCCAACG TTATTCGTTA ACAATCAGTA ATAATGTAGT	4140
	AGTTCCCTTG AATTAACAAT ATTAAATTTT TGAACATAAA AAATACTCCC TTCAACATAG	4200
50	ACACTTAACT TGTGTTATGT ATGAAAGGAG TATTTTTGCG TTAATAATTT GTTTTATTTT	4260
	CGAGCCACAG CCACCTATTC AATGGCTATT GGTCATTACT AAAACAAATT CATATTAACT	4320
55		

EP 0 786 519 A2

	TTGAATAAAT TTTATTCTTC AGTTTGTGG TCTTTCTTAG TGAATCTTCT AATTAAGAAT	4440
	GCCATACCTG CACCTAGAGC TAATTCAGCA TATGGTAAAT CGTCATTATG TGACATACCA	4500
5	GTATCTGGTA AAGTTTTAGC TTGTTGTTTA GCTTTATTAA CTTTTCCTTG TTGAGCTGAT	4560
	TTTGTCTTAG CTGGTGGTC GTCAGTGTTA GTTACATTAA GCATATCTTG ATTAGCACTA	4620
	TTGCTTCCAT TTGAAACTGT AGCTGGAGAT GCATTGGCAC CGTCGTTTTG CGTAGyTTTA	4680
10	TTGTTTGCAG CTGAACCAAC TGATTTTTGC GTATCATTAG TATCTGCTGT TGCCGTATCA	4740
	TCTTTTTGGC TAACATTAGT TGAAGTCATT TTTTCTTTTG CTTCAGAAGA TGCAGATGTT	4800
15	GATGGTTTAT TCGAACTTC AGTATCAGCT TTGCTTGGCG ATTTATCTGC TTCGTTAGAT	4860
	GCAACGTTAG TTTCAGACTT AAGTTGTCCT GCATCAGTTT GATTTGTCGT ACTTTCTTCT	4920
	TTATCTTTTG ATGTATTAGA AGGTACATTT GGTTCGTGTTA TGTCTGCTGA AGGCAATGTT	4980
20	TCAGTTGTtG ATTCAACCAT ACTTTGATTT GTTGAATCAC TACCATCTTT TTCTGCCTTA	5040
	GCTTTATTTT CAGATTTTGG TTGTGCAACC TTGTCATTAG TTGATTGAGA TTCAGCACTA	5100
	TTATTTACTT CAGCATTTTG TTTTGAATCA TTTACAGATG CATTATCTTT GCTATCAGCA	5160
25	GATGATGCTG CTTCTGTGCT CGCAGTTGTT GGAGCCGTTG CTGTTGATCC TGTGGTGCA	5220
	TTCTCGTTTG TTGCTGTAGT TGTACTATTG TTATTTGTTG TGCTTTCTGC TGGCGTTGCA	5280
	TTATCAGTTT CTGTTACAGG TTTATCAGTT GTGCCGTTAT TAGTTGATTC TACTTCTGGT	5340
30	TTACTAGTTA CATCGTTATC CATTGTCGGA CTGTTTGTTG ATGCATCTAC ACTAGAATTG	5400
	TTATTAGCTT GCGGTTTATC ATTTGCATCA TCAGTTGCTG ATGTTGCTGT TGTTTCACCT	5460
35	GTTGCCGCAT CACTATTATT TGGTGTTGTC GGAGAAGCGT CTGCTTTGCC ATTAGCTGTC	5520
	GTCTCAGATA CGTTAGGTTG TCCAGTATTT TCTGGTGTTG CATTAGCATT TGAATTTGCT	5580
	GTTGCATCAT TATTATCTAT ACCATTATTA GTATCATTAG CATCTGGATC ATTCTGAGGC	5640
40	ACAATCGCTT CAATTGCAGG TATCGTTACA TTTTGTAATT CAGCAACTTC TGCAFTTGTT	5700
	TGTGTTTTAT CTAATTTATC AGCAAATCTG TCAAAATATC TACCTAAATC CGTACGTGCA	5760
	ATTTCTTTTCG CCGATGCATC TGCATCTGCA TTTTAAATTA TTTCTATTTG CTTGTAAACC	5820
45	ACTTCTCTGA TTGCTTCCAA AGCATTTTTC TTAACCTCAG GATTAATACG TTGTGCTTTA	5880
	AGTTGTTCAA GCGCACTATT TTTGACAGTA GCGATTTCTG CATTTGTAGT TTGATCAGAA	5940
	ATATCTTCAG TTGCTTTTGA TAAAATGTCT TCTAAAGCAT TCGTAAACGC TTCTTTTTCT	6000
50	TCAGTTGTAG CATCAGCGTT GACATTTACA CCTGCTTCAA TCTGGTCTAG TGCAGTTTCT	6060

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 535:

55

(A) LENGTH: 977 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 535:

10	AACAAAGCCT TCCAATTATC TCGTCGGTA GAACAAGTAT TAGCAACTTT ATCACCTACG	60
	CTAAACAGTC CTTACGATTT ATACGGCACG ACAAAAATGC TAGATATTAC ATTCGATTCA	120
	TTTGAACATG ATGGTACAAC GTACCCTGTC GACTATGCTA CGTTTGAAAA TGATTATGAA	180
15	GATAATAAAG ATCCTGAGTT TAGACGTAAA AGTTTCAAAT CGTTTAGCGA TGGGATTCTGA	240
	AAATATCAGC ATACTACCGC GGCTACATAT AATATGCAAG TACAACAAGA AAAAATTGAA	300
	GCTGATTTAC GTGGATTGTA ATCAGTCATC GATTATTTAT TACATAGTCA AGAAGTAACG	360
20	CGTGATATGT TTGACCGTCA AATCGATATG ATTATGCGTG ACTTGGCACC AGTTATGCAG	420
	AAATATGCTA AACTTTTACA ACGTATTCAC GGATTAGATA ACATGCGTTT TGAAGACTTG	480
25	AAGATTTCTG TAGACCCTGA TTATGAACCA GAGATTTCAA TTGAAGACTC AAAAAATTAT	540
	ATTTTCGGTG CGTTAAGTGT TTTAGGTGAT GACTATACAA ACATGTTACG TGAAGCATAC	600
	GATCAGCGAT GGATTGATTT TGCACAAAAT AAAGGTAAAG ATACAGGCGC ATTTTGTGCA	660
30	AGTCCATACT TTACACATTC ATATGTGTTT ATTTCTTGGA CTGGTAAAAT GGCTGAAGCA	720
	TTTGTCTTAG CACATGAATT AGGTCATGCA GGTCATTTTA CATTAGCTCA AAAACATCAA	780
	CCATATCTTG AATCAGAAGC ATCAATGTAC TTTGTTGAAG CCCCTTCTAC AATGAATGAA	840
35	ATGTTGATGG CCAATTATTT ATTTAACACA AGTGATAATC CAAGATTTAA GCGTtGGGTT	900
	ATTGGCTCAA TTTTATCTAG AACATATTAT CATAATATGG tACCCmTTTA TTAGAAGCnG	960
	CTTATCCACG GGGAGTG	977

40

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 536:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1440 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

45

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 536:

50	AGACAGTGAT yGaATTTTCAT TTACAGTACA CAAATCATCG AAAAATTGGT AACATTCTTC	60
	TCTATTTTCT AACGTTAgwA TTgCATCAAA CAATTCATCT AACGCTGCAC CTCGTAATTT	120

55

AATCTATTAA AGTGTAGCGa TTTATATTTT ATTAAATCTG AATCGTTACT TTATTTAATT 240  
 TTATGCTAAT CCAGCGCGTT CGAAAATAGT GTCAACTTGa TTCAAATGAT GTTTAGGATC 300  
 5 GAAACATTCA TCCAATTCTT CTTTTGTAA AACACTTGTA ATAGACTCAT CTTGTTTCGAT 360  
 TAATTCACGG AACGGTGTTT TCGTTTCCCA AGATATCATC GCTTTTGGTT GTACTTTGTC 420  
 GTATGCTTCT TCACGAACCA TACCTTTATT AATTAATGCT AATAAGACAC GTTGTGAGAA 480  
 10 AATCAGACCA AATGTTTTAT CTATGTTATT ACGCATATTA TCTTCAAATA CAGTTAAACG 540  
 GTCCACAATA TTTGTGAACG ATTCAATGCA TAATCTAGTG CATTGTGTAAC ATCTGGTAAC 600  
 ATAATACGCT CAGCAGAAGA ATGAGAAATA TsTCTTTCAT GCCATAATGG CACATTCTCA 660  
 15 TAAGCTGTAG TAATATAACC ACGAATGACT CTTGAAATAC CTGTGATATT TTCAGAACCA 720  
 ATTGGATTTC GTTTATGAGG CATTGCAGAT GAACCTTTTT GGCCTTTTGC AAATGCTTCT 780  
 20 TCAACTTCTC TCGTTTCGGT TTTTGAAGG TTACGTATTT CAACGGCAA TTTTCTAGT 840  
 GATGTCGCGA TTAATGCTAA TGTCGCAATA TAGTATGCAT GTCGATCGCG TTGCAATGTT 900  
 TCGTTGATA CAGGCGCTGT GCCAATACCT AAATGTTTAC ACACATAACT TTCTATTTC 960  
 25 GGAGGAATGT TAGCAAAGT ACCTACTGCA CCACTCATTT TCCCTACTTC AATTTCTTCT 1020  
 CTTACTTGTT TGAAACGTTG TAAGTTACGT TGCATTTCCG TGTACCACAA TGCCATTTTG 1080  
 ACACCAAATG TAGTTGGTTC TGCATGCACT CCATGTGTAC GTCCCATCAT CAATGTATAT 1140  
 30 TTATAATTTT TTGCTTTTTC AGCTAAAACG TCGATAAATC TTTCTAAATC TTTTCAATA 1200  
 ATGTCATTIG CTTGTTTAAT AACGAACTT AAAGCTGTAT CTACAACATC AGTAGAAGTT 1260  
 AAACCATAAT GTACcACTTA CGTTCTTCAC CTAGCGTTTC AGAACTTGT CTAGTAAAGG 1320  
 35 CTACAACATC ATGGCGCGTT TCTTGTTCAA TTTCTTGTC ACGTTCGACA TTTACCTTTG 1380  
 CGTTTTGACG AATTTTTTGT ACGTCAGCTT TCGGTATATG TCCTAATTCA CTCCATGCTT 1440

40 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 537:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 784 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 45 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 537:

50 GATAAATCTA TnCAGTTTCC GTCCAAATAT CtGCaCCTAA AGCTTTTAaG TGTTCTACAA 60  
 TATCTgTATA ACCTCTATAA ATATGTTTAA CATTGTAAAT TGTAGTTACA CCCTCAGCAA 120

55

CATGTAATGT TGATGGTTTT ATCGTTGCTG TGCCTTCGTC AACTTCAATA TTTGCACCCA 240  
 TCGCCTTTAA TTCTTCAACA TGTTTAAAAC GCTCCGGATA AATCGTATCA GTTACAAATG 300  
 5 AAGGACCATT TGCCATAAAT AATAATGGTG TAATAGGCTG TTGCAAATCA GTAGCAAAAC 360  
 CTGGATATAC TAGTGTTTTA ATATCAACAA ATTGATATGG CGCATTATTA TTGATGCGAA 420  
 TTCTTTCGTC TCTTACATCA ACATTACAC CTAATTCAC AAATTTAGCA GTTAATGTTT 480  
 10 CTACATGTTT CGGAACAATA TTATTTAATA TAACATTTTC TCCACATGCT GCAGCGATAC 540  
 ACATATATGT GCCTGCTTCA ATTCTATCAG GTATAACTTG ATACTCAGAA CCATGTAATT 600  
 CTTTGACGCC ATTGATTTTA ATTGTTGATG TACCCGCTCC CTTAATATTA GCTCCCATAC 660  
 15 TTGTTAAGAA GTTAGCAACA TCAACTACTT CCGGTTCTTT AGCAGCATTT TCAATTACAG 720  
 TTTGTCCTGT TGCATAAACT GCAGCTAGCA TAATGtnAAT TGTTGCACCT ACGCnAACCA 780  
 20 TATC 784

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 538:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 25 (A) LENGTH: 3733 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 538:

CAATCTCCAC CAATGACACG TCGTCATTCG TGACCTCATA CCArACAAAA AACAGTCTCG 60  
 CAATCAAGAC TGTTTTCCAC TCAATATATT CATCCATTAG CGTAATAGAT TATTTGACTT 120  
 35 CTGTAGCTAC AAAGaTTTTA CGTTTTTCCC AAACGCCTGT cTTTTTCATTG TAATCATCAC 180  
 AAGTAATTAA TGTTAATTGT TTATCTTTAC CTTTTTGTTT ATCTAGAACT CCTACATCTG 240  
 40 TAGGCTTAAC ATCTCTTATA CTGTGCATTT TATACTTACG TGTTTCATTA CCAACTTTAA 300  
 AGTACACCAT ACTACCTTTT TTGGCTGCTT TAAGATTTGT AAATTGATAG TTCGGACGGT 360  
 CAATGAAAGT GTGTCCTGCA ATTGAAATAT TTTGATCATC TAGTGATTCA TTTTCTTCTG 420  
 45 CAAAGCTTAC ACCTCTATTT AATTGTTTCTG GTGTTGCTGG TCCTGGATAT ACTGGTTCTT 480  
 TAATATCAGC ATCTGGAATT TCAATATAGC CTGCCACTTT CGATTTATCT TTCGGAATTT 540  
 GAGGTTTAGC TTGCTGCTTT TTATCTTTAC TCGCCTGTTC TTTTACATTT TTATCATATT 600  
 50 GTTCAATCTT TTCATCTTTA TCTTTATCGT GAAGATAATT ATCGATATGT GGTTTAGCAA 660  
 ACAAATATGC TGCCACTAGG aTAAGTACCA CACCAGCGAT TGTCATTAAT CGATTTGTCC 720

55

	AGTATACCAT TAATTTCAAA ATGACTCATA GCAATTCATT TTATACTATA AAATTTACAT	840
	GTATACTTTT ACGTTAGATT TCATTACACA TATTTGCATT CAAATAACGA AACGCTTTTA	900
5	ATAATTACTA AGGGGGAATT GATATGATTA GATACGCTAA AAAAGAGGAT TTAAACGCTA	960
	TATTAGCGAT ATACAATGAT GCCATTATCA ATACTACAGC TGTTTATACT TATGAACCAC	1020
	AAACCATAGA CGAACGTGTC GCATGGTTTG AAACGAAACA ACGTAAGCAT GAGCCTATCT	1080
10	TTGTATTTGA GGAAAATGGA AGTGTCTTAG GGTTTGCGAC GTTCGGTTCA TTTAGACCTT	1140
	GGCCAGCATA CCTATATACA ATCGAACATT CTATTTATGT CGATGCTTCA GCTAGAGGAA	1200
15	AAGGTATTGC TAGTCAATTA CTACACCATT TAATTGTGGA AGCAAAAGCT AAAGGTTATC	1260
	GTGCGCTAGT TGCAGGCATT GATGCTTCCA ACAAAGCGAG TATTCAGTTG CATCAAAAGT	1320
	TTGCTTTTAA GCATGCCGGC ACACTGACCA ATGTAGGTTT TAAATTTAAT AGATGGTTAG	1380
20	ATTTAGCATT TTACGAATTA GATTTACAAG ACTAGTAATG TTTGAATCAC ATAATATAAA	1440
	CAAGACAACC ATGTTAATTC CCTTAACATA ACAAGCCAAC ATATAAAATT TTAAACTTCT	1500
	CAGGGGAGTG GGACAGAAAT GATAAAGAGC CACTAATGAT TTATTATGTA GTGGTTCTTA	1560
25	CACATTAGCC ACAGCTAATG TGTACTTAAA AATAGGAATA CATGAGTAAA ACTCATGCAT	1620
	AAGAAATACT AATTTCTATA GAAAAAGTAT TTCTTTATCG TCGTCCCACC CCAACTCGCA	1680
	CATTATTGTA AGCTGACTTT TCGTCAGCTT CTGTGTTGGG GCCCAAAAAG CTTGTTACAA	1740
30	GCGCATTTTC GTTCAGTCAA CTACTGCCAA TATAACTTTG TAGAGCATAT TACATTGATT	1800
	TACATTGTCC CTTTTATTTA TTCTTTTCAA ATACTATCCC CATAGCTTTG ATTTAACGCT	1860
	TTTTCTCAAT AACAAAACGA ATATAGTAGA ACATGAAAAC GATAATCATG CTGAGCGATA	1920
35	AAGATTTAAA TAATAGATTG ACCCACGTTT CCTCAGTCGT ATATCCATAT GTAATCGTTG	1980
	TGTTAATGAT GAATGCTATA AAGATGATTG ATAGTCTTAG CATATCATCA CTCCTTTTAA	2040
40	GTTATTTTAG ATATACGGGG GCGCTTTTGC AATCACTATT TTGATTAGTA TGCATTTTCC	2100
	ATAAATCTTT CAACTTCTTC AGAGATAATT AAGAAGCATC TATCTGGTAC TAATGATCCA	2160
	GACAGATGCT TCTTTTTTAT CAATATTTTA TTGTTATCTC ATTAATTATT TTTAACCATA	2220
45	TCTTCAGCTG TGCCAAAGAT TTTACGTTTA ATTGCTTCGC CAGTTGGTGT GCCTGCTAGT	2280
	CCACCCAATC CAGTTTCACG TAATGATGCA GGAAGGTTAC GACCAACCTT ATCCATTGCT	2340
	TCAATAACTT CATCAACAGG GATTCTACTT TCAATACCTG CTAATGCTAA ATCTGCTGAA	2400
50	ATTAAAGCGT TACCCGAACC AATTGCATTT CTCATAACAC AAGGAATTTT AACAAGTCCG	2460
	GCTACTGGAT CACAAACTAA ACCTAATAAA TTACTTATCG CTAATGCCAT AGCGTGCCCG	2520

55



	GAACCAACTT CAGnTTGGCA GCCACCTGTT GCACCAGCTA CACTTGCATT GTTTGCTACG	2640
	ACACGCCCAA ACAATGCTGA AGTGAATAAG AAATCAATCA TTTGCTCTTC TGTTAAATCA	2700
5	TGTGTTTTTT CTAATTAAA AAGTGCACCG GGAATGGTAC CCGAGGAACC AGCTGTTGGC	2760
	GTtGCACAAA TAATACCCAT CGCAGCATTG ACTTCATTTG TTGCAATGGC AcCtTTGcTG	2820
	CGTCAATCAT TTCATATCCA GACAAAGCAT GATGTGTTTC ATTATAATCA CGTAGTTTAG	2880
10	CAGCATCATG ACCAGTGTAG CCCGTTACAC TTTCAACCCC ATCACCTGTC GTCCCTTTGA	2940
	TTACTGCGTC TCGCATGACA TCTAAATTTT GTTTCATTTG CGCTCGCACT TCATCACGTG	3000
	ATTTACCGCT TAATTCCATT TCTTCTTTAA CCATGATATC CGCAAATGAC ATATTATTTT	3060
15	CTACGGCATA ATCTATAGTC TCTCTAATTG AATCAAACAT GTTTATTCCC CCTCTAATT	3120
	ATATAGGAAA CGTTTACGTC ACTGTATTTT TCTTTAATTG TATTTAATGT TGATTCTGAG	3180
20	ATTGCTTTAT TTAATGGTAT TACAACCAAG CATTATCTT CATCTATCTT AATAAATTCA	3240
	TCTTTACAGT CTAATTTTAT ATCGTTGATA TCATTGATGA AATGATTTAC TTGTGCTTTA	3300
	GTCATATTTT CGTCAACAAC TAAAATTGGT AATCCATGAT TTAAATCTAC TTCTAGTCCA	3360
25	TTTATATGAA TACCTTTAAT TTAAATTGTA CCACCACCGA TTGAAATACC GATAATTTCA	3420
	ATGTAGCGAC CATCATTACG AGATGATTTG ATATAAGCAC AGTTTGGATG TTGACCAATA	3480
	CTATCGCCTT CTTCTTCGAT GATATCTATT TTAATACCAT CATCAGCTGC AATTTCTAAT	3540
30	GAAGATTTAA TTCGGTTATC AAATGTTGAA TATCCCATTG CTCCACCCAC AATAGCGACA	3600
	TCTGTACCAT GTCCTTGGTG TGTTTGAGCA AATGATTCAT AATAATGTAT TTCAATATTT	3660
	TTATATCTCC CAATATTGCG CGTGCTGAAT TCCCCTTTAC TGCACCAGCC GTATGAGAAC	3720
35	TTGAAGGGCC CAT	3733

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 539:

40	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
	(A) LENGTH: 525 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

45

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 539:

	TGGCTGTCTT CTCTATGAGT GTAGTAAGTA AGTTAACGGA TTAAACGCCA AGGCAAATAC	60
50	GTTACTATGA AACACATGAA CTCATCAAAC CTGAAAGAAC AGAAGGTCAA AAACGTCTGT	120
	TCTCACTCAA TGATTGGAA AGATTACTAG AAATTAAATC ATTATTAGAA AAAGGATTTA	180

55

AAGAGATAAG AAAAAAGATG ATTGTAGATG CCACGCAAAA GCCTATTGGA GARACTTTGC 300  
 CAATAAATCG TGGTGATTTA TCCCGATTTA TTAAATAAAA TTTGGAGGAT TTTAAAATGC 360  
 5 CAAAACGTAC TTTCACATAA GACGACATTC GTAAATTTGC AGAaGAGGAA AaTGTAaGaT 420  
 ATTTAAGATT ACAATTCAC TATATTTTAG GAACAATTAA AAATGTTGAA GTGCCTGTAA 480  
 10 GCCAATTAGA AAAAGTACTT GATAACGAAA TGATGTTTGA CCGTA 525

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 540:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1408 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 540:

TTGATTTGCT ACAAAGTATC TnCTCATTTC TGTATCCTGA AAAATCTTTA GTGTAATAAT 60  
 GTTGTTCACT TTTAATATTT TCAGTCATAG TTGACTACCT CCGTATATTT TGATTTAATT 120  
 25 AAGTTGTATA TTTTGATGAA CACTTATTGT TACTTGTTGG CGCAAGTAGC AGTTTTTTTCA 180  
 TTCTTCATAA AAGTATTCCT TATAGAATAT GAATGTTGCG ATACTTGCGA ATCCTGCAAT 240  
 TGaCCATGCT GtAGTGAAGT ATAGAAACGG CATAAGTACA ATCGCTAAGA CTGTGAAGCA 300  
 30 TAGTACTGCT ACTAGGTAGC TTTTATAAAT GTTACTCATT TTCTTTTTTC AACTCCTCCA 360  
 TTATTCTCTG GTCTGATAAG TCGTGATAAG GGAATTTTTT CcAGCTAAT TGGACTGGTA 420  
 TTCTGCCTCG TATCGCAATG TATCCTTCAT CTTCAAGCTC TTTATTCAGT TCTCTTATTA 480  
 35 TTTGTCCTGC TTTGGATTTA GAAACAGATA AAATTACCgC AAGTTCTTTA GCTTGCAAAC 540  
 TATTTTTTCAT CATATCTTTT CCTCCTTTAA AATAACTGTT GATTCTCTGG GTTATCTGCT 600  
 40 TCGTAATTAT CTGCAATAAT ACTTTTAGCG AAAAAGTCCA AACTGACCTT ATATAGGTTG 660  
 TTCATAGATT TCTTTACGTT AACCCCTTCC TCAAGTACAT AAGGCACCCT AAAATCATTT 720  
 ATAAACAGTC CGTTTTTCGTC TAAAGTAACG GTTGGAATT CAGGTTTGTT CCGTCTATAA 780  
 45 ACTTCTCCTA GTGTAGGTTT TTGCTTTTCA GCTTGTTTAG TGAAGTCGGA AAATGCCTTA 840  
 AGTAGTTTTA TTCCTGAATC AGGATCACTG TGTCGCTCAA TCGTTTCTGC TGTAAGTCTT 900  
 TTACTAAAAT CATTTCTATT GATTACAGGC TTTCTCGTAT TTCGTTCAAT CTCCAAACC 960  
 50 TTCCACGTCA CAACTGCCAT TGTGGTGAGG AGGGTTGTTT TGTATAGTGC GTTCATTTGT 1020  
 AATTCCTCCT ATTAAGTTGT TTGTTCAATT GTGTGTGTTA TTCTTCTTCG TCTAAATCAA 1080

CGACTTCGTA AGTGTGCTCA ATCTCGCCTG cATATGTCAC AGTAAGAGTA TCTTTGTGTG 1200  
 TGTATGTTTG ACTTTTGTTY TCTtTAACTG CATAAAGTGT TAATACTATA TTGTTTAGCT 1260  
 5 TTyCTTTTTG TTCTGGTGTC ATTTACGCTC CCCCTAmATT AGCYTCATAA CCGAATTCAG 1320  
 TCATGATTTC ATGTATTTTC AATCTGCCTT TTTGTGTCCA TCTAGTTTGT AAAACTGTGT 1380  
 CTTCTCTGCC ATCAGAACGC ACAATTGT 1408

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 541:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 432 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 541:

GTTCGTCAAT GATTTTTATC CGATGCTATG AGCATTaTCA AATACAAAAT GCTCTCTTAA 60  
 AAGCAGTTAT TGA CTGAAAA TCTACTTCTA AGAGAGCACT TTATTTAATT ACTTAAGAAA 120  
 25 TCTTGAAATT TCAATATACG ATGTTTATGA TAAGTCGCTT ATTTTCATCTT TAGGCTTGTT 180  
 ATTAGTAAGT AGTTTAATAC CACTGATTAA CCATAAAGCA AATGTAATTA TGTTACCACT 240  
 TATTACAGCT CCAATAATCA ACAATATACC ACTCATTTTT TTGTTTTTAG ATGCTTTAAA 300  
 30 CATACCGATT GCACCTAAAA TAATTGAAAT GATTCCAAAT ATGAATAGGG ATAAGAATAA 360  
 TACAGTGAAA ATTGCTGCTG CTGTTTCTGc ATCAACTGGG nCAACCTCAC CATTAACTGT 420  
 TGTTGGACAC AT 432

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 542:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2426 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 542:

ATAATCATGA AGTnGCTAAA nCGCCAAATA ATGATGGTTC TGGACATGTT GTGTTAAATA 60  
 AATTCCTTTC AAATGAAGAG AATCAAAGCC ATAGTAATCG ACTCACTGAT AAATTACaG 120  
 50 GAAGCGATAA AATTAATCAT GCTATGATTG AAAAATTAGC TAAAAGTAAT GCCTCAACGC 180  
 AACATTACAC ATATCATAAA CTGAATACGT TACAATCTTT AGATCAACGT ATTGCAAATA 240

	GTATAAAAAG TCAACGAAAT ATTATTTTGG AAGAACTTGC ACGTACTGAT GATAAAAAGT	360
	ATGCTACACA AAGCATTTTA GAAAGTATAT TTAATAAAGA CGAGGCAGTT AAAATTCTAA	420
5	AAGATATACG TGTTGATGGT AAAACAGATC AACAAATTGC AGATCAAATT ACTCGTCATA	480
	TTGATCAATT ATCTCTGACA ACGAGTGATG ATTTATTAAC GTCATTGATT GATCAATCAC	540
	AAGATAAGTC GCTATTGATT TCTCAAATTT TACAAACGAA ATTAGGAAAA GCTGAAGCAG	600
10	ATAAATTGGC TAAAGATTGG ACGAATAAAG GATTATCAAA TCGCCAAATC GTTGACCAAT	660
	TGAAGAAACA TTTTGCATCA ACTGGCGACA CGTCTTCAGA TGATATATTA AAAGCAATTT	720
15	TGAATAATGC CAAAGATAAA AAACAAGCAA TTGAAACGAT TTTAGCAACA CGTATAGAAA	780
	GACAAAAGGC AAAATTACTG GCAGATTTAA TTACTAAAAT AGAACAGAT CAAAATAAAA	840
	TTTTTAATTT AGTTAAATCG GCATTGAATG GTAAAGCGGA TGATTTATTG AATTTACAAA	900
20	AGAGACTCAA TCAAACGAAA AAAGATATAG ATTATATTTT ATCACCAATA GTAAATCGTC	960
	CAAGTTTACT AGATCGATTG AATAAAAATG GGAAAACGAC AGATTTAAAT AAGTTAGCAA	1020
	ATTTAATGAA TCAAGGATCA GATTTATTAG ACAGTATTCC AGATATACCC ACACCAAAGC	1080
25	CAGAAAaCGt TAACACTTGG TAAAGGTAAT GGATTGTAA GTGGATTATT AAATGCTGAT	1140
	GGTAATGTAT CTTTGCCTAA AGCGGGGGAA ACGATAAAAG AACATTGGTT GCCGATATCT	1200
	GTAATTGTTG GTGCAATGGG TGTACTAATG ATTTGGTTAT CACGACGCAA TAAGTTGAAA	1260
30	AATAAAGCAT AATTATATTG GGGGAAGAGC ATCTATATAT TTTTMTAAGT ATATAAGACG	1320
	TCTTATTTCC CCTTAATTTA TTGTGAAGTA TATGCAAAAT GCAATGAATA GATTGTCCAT	1380
35	CATTTTAACG TTATAATGAA TTTAACGACT TAGAACTACA CAAGTAAAGG AGAATGAAGA	1440
	TGTCTCGAAA AACGGCGCTA TTAGTTTTGG ATATGCAAGA AGGTATAGCG AGTAGTGTAC	1500
	CTAGAATAAA AAATATTATT AAAGCGAATC AGAGAGCAAT TGAAGCAGCA AGACAACATC	1560
40	GAATACCAGT CATTTTCATA CGTTTAGTGT TAGATAAGCA TTTTAATGAT GTCTCCTCGA	1620
	GTAATAAAGT GTTTTCAACA ATTAAAGCTC AAGGATATGC GATTACTGAA GCAGATGCAT	1680
	CTACACGAAT ACTTGAAGAT TTAGCACCAC TAGAAGATGA GCCGATTATT TCTAAGCGAC	1740
45	GCTTTAGCGC ATTTACAGGT AGTTACTTGG AAGTTTATTT ACGTGCAAAT GATATTAATC	1800
	ATTTAGTATT AACGGGTGTC TCTACAAGTG GAGCTGTATT GAGCACGGCA TTAGAAAGTG	1860
	TAGATAAAGA CTATTATATT ACTGTTTTAG AAGATGCTGT TGGTGATAGA TCAGATGATA	1920
50	AACATGACTT TATTATTGAA CAAATTTTAT CACGCTCATG TGACATTGAA TCCGTAGAGT	1980
	CATGGAAAAG TAGTTTATAG TTAATATAAC GTCAATTAAA GCTCGGCAGT AATGTTTGAG	2040

55

GAGGAACATT TGAACATAAA ATAATATATT TATATAAAAC GACCgAGGCG TTCGAACTGA 2160  
 ATGtCCTCGG GTTTAATTGA ATAGAAATCG GACTTATGAA CGAAATATGT TTAAGTCGAA 2220  
 5 CTCCTTGTTT ATACTTATAA ATTTTACGGG TTTAATATAA TACTTATTTA CCTGTAATAT 2280  
 ATGCATAATT nCTTCAGTCG GTCAGCCTGT CGTTGCATAG TTCCTATGCA GCAAATGCAT 2340  
 ATCCTAATCC TTTAACATTG GCATTnCTGC AAATGAACGC ATAGAATCCA TTCACTGTTA 2400  
 10 ACTTTTTnCA ACAAATGTCT nACATG 2426

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 543:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1874 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 543:

GAGTTGGGGA ATGTGCTCAA AATATGCCGA CTTTATGCAT TyCGGAATTG sCCaATTGCA 60  
 25 GCTTTAAGCT ATGGTCAAAA AAAGAGGGTC ACTATAGCAT CTGTTTTAGT CTTAAATCCG 120  
 GAAATAATCA TATTGGATGA ACCGACTGCT GGTCAAGATT TCTATCATT TAATGAGATA 180  
 ATGTCATTTT TAATTGAACT AAACAGACAG GGAAGACGA TTATTATGAT TACGCATGAT 240  
 30 ATGCATTTAT TGTCTGAGTA TAGTTCAAGA ACAGTTGTAT TATCAAAAGG TCAAGTCGTT 300  
 GCTGATACCA CGCCAgTATT GGTTTTAAAT GATAAAAAAA TCTGTGAGAT TGCATCATTG 360  
 AGACAAACAT CGCTATTTGA AATGGCCGAA TATATAGGGA TTAGCGAGCC ACAGAAATTA 420  
 35 GTACAATTAT TTATTAACCA TGATAGGAAG GTGAGACGcC AATGAATCAA TATAATACTA 480  
 TAGGTTTTCA CCCGGGAAAT AGTCGTATTC ATCAATTAAA TGCGACTGTT AAACTTTTAT 540  
 TCTTATTAGT TGTTCCTATT TCTGCAATGG TGACTTATGA CACAAGATAT TTAATTTTAA 600  
 40 TTAGTGCTTC ATCTATTTTA TTGGTCAAAT ATGCTCATAT TGAATGGAAA CAAGTTCGCT 660  
 TTGTTGTTAA ATTCATTCTG TTTTTCACAA TAeTAAATAT TATTGCCGTG TACATATTTG 720  
 ACCCTGAATA TGGTGTGAAG ATTTATAATC AGCGTACAGA GTTAGTCAAT GGTATTGGTC 780  
 GATTTACGCT AACATCACAG GAATTATTCT ATCTTTTTTAA TCTAATATTA AAATATATTA 840  
 GTACAGTTCC TTTAGCGTTA ATATTTTTTAT TCACAACGAA TCCGAGTCAT TTTGCTGCAA 900  
 50 GTTTAAATCA GCTAGGTGTG AATTATAAAA TCAGTTACGC AGTCTCACTA GCATTAAGGT 960  
 ATATTCCAGA TATTCAAGAA ACATATTtca ATATTTTACA AGCGCAACAA GCAAGAGGAT 1020

TACCTTTAAT ATTTTCTAGT ATCGAAAGAA TTGACACTAT TAGTACTGCT ATGGAGTTAA 1140  
 GACAATTCGG ACAGTATAAA AGGAGAACCT GGTACGTCAA AAAACAATTA AAAAAAGATG 1200  
 5 ATTATGTTGT TTTGTGTTTG ACGTTAATAC TTCTGATGTT AGTAGTTACA TTATTCTTTT 1260  
 TAAATAATAG TCGATATTTT AACCCGTGGC ATTAGTATTC ATATAAATAG TCTTTAAATA 1320

AAATAGGAG GGAGACATTT AATGATAAAT ACTGAAAGAT TAAATTTAAT GATTCCAAGT 1380  
 CCTCGCATT TAATTGAACT TTATAATATT TGTAGTCATC CACAAGCAAA TATATACACT 1440  
 CCAAAGGTT TACATAATTC CAAATTAGAC ACACAACGGT GGATTGAAAA ATGGCGAAAC 1500  
 ATTGGCAAC AATATCAATT TGGTTACTTT GTATTGGTAA AAAAAATAGA TTGTAGTGTT 1560  
 TTGGTATTT GTGGATATGA ATATCGACAA TTAAAGCAAG AaACAGTATT AAATTTATTT 1620  
 ATAAATTAC ATCCAAGTTT TGAAGGACAA GGGTACGCAT GTGAGGCTAT TACAGCAATC 1680  
 CAAATTTTG TGAATTATAT CGATCAAGAA ACAGTAAAAG TTATCAGGAC AAATAAGTGT 1740  
 ACCAACGTT CAATAAATTT AGCAGAAAGG CTTAAATTCA AGCGAGACGA TACTATGGAC 1800  
 ACATTATCA ATCAAGGAGA TATTGTGTTT TAAaAATAAA ATACTATGAC ATTATCTAAA 1860  
 AATAAAATT AAAA 1874

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 544:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5280 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 544:

CAACATTTT TAACACCAAT GTGAAAATGA TCTATGTGAT TTGCAATGGC TTGATTTGTA 60  
 ATATGTGTGC CTAAATGACC TGTAGCACCT GTTAACATAA TATTCATTCA CTTTCATCTCC 120  
 AATCTTTAT ATACATAACA TAATACTTAT TTGATGGTTT TCAAAACATT TGATTTTATA 180  
 AAAATTCTA ATCTGTATTT ATTGTCGACG TGTATAGTAA ATACGTAAAT ATTATTAATG 240  
 TGAAAATGC CGTAATGACG CGTTTTAGTT GATGTGTATC ACTAATATCA TTGAAAATTT 300  
 AATCaGGTA CTACGACAAT ATGATGTCTG TTTTGTGTCT GAAAGTTTAA CAGTTTTTAA 360  
 ATAAAAATG GTATAAAGTG TGATTTGTAT AAAAAAGAGT CTCGACGGAT AAGAATTGAT 420  
 AATAACAGT TAGCATTTTA TTAATTACCT TAACAATGAT TCAAGTTTAG TTAAATGAGG 480  
 TTAATTTGA AAGGGGATAG CGCCTCAATA TAATGTAGGT AGATTGTTCA TATTACGTAA 540



	AAGCAAGTTT AGCATTGGGA ATGTTAGCAA CAGGTGTAAT TACaTCGAAT GTACAATCAG	660
	TACAAGCGAA aGCAGrAGTT AAaCAACAAa GTGAaTCAGA GTTAAACAC TATTATAATA	720
5	AmCCAATTTT AGAGCGTAAA AATGTGACTG GATTTAAATA TACTGATGAG GGTAAACACT	780
	ATTTAGAAGT CACAGTAGGG CAACAGCATT CTCGAATCAC TTTACTTGGA TCTGATAAAG	840
	ATAAATTTAA AGACGGAGAA AACTCAAATA TAGATGTGTT TATCCTTAGA GAAGGTGACA	900
10	GTAGACAAGC AACAAATTAC TCAATTGGTG GCGTTACAAA ATCAAATAGT GTGCAGTATA	960
	TTGATTATAT CAATACGCCA ATTTTAGAAA TCAAGAAAGA TAATGAAGAT GTACTTAAAG	1020
	ATTTTACTA CATTTCAAAA GAAGACATCT CATTAAAAGA ACTTGATTAT AGATTAAGAG	1080
15	AACGTGCGAT TAAACAACAC GGCTTGTATT CAAATGGTCT TAAACAAGGT CAAATTACAA	1140
	TTACAATGAA TGATGGCACA ACACATACAA TCGATTTAAG TCAAAAACCTT GAAAAAGAAC	1200
20	GTATGGGTGA GTCAATCGAC GGCACATAAGA TTAATAAAAT TCTAGTAGAA ATGAAATAAT	1260
	ACTTTCTAAC AACAAAGCGC TATGTTGAAT AGTGCTTGTT ATGGAAATAT ATGGAAGTTA	1320
	AGCGACGTAC TGTGCTTAG CTTCTTTTTT TGAGGGGAAA AGTTACAAA CTCACACAAA	1380
25	CAGTCGCACC ACGCATTATC TTTTGCTTAA ATAGCTTAAT CATATTTTAT GAATAGTTAA	1440
	AAACAGGTTA ATGTGAATAT CCGAATACAG CTCCTATAAT ATGGGTGTAT GATTCAAATT	1500
	ACGTAATAAA ACAATCTAAT TATAATAGAT TGGAGCATAC AACTATGAAA ATGAAAAATA	1560
30	TTGCAAAAAT AAGTTTGTTA TTAGGAATAT TAGCAACAGG TGTAACACT ACAACGGAAA	1620
	AACCAGTTCA TGCCGAAAAG AAACCTATTG TAATAAGTGa AAATAGCAAA AAATTAAAAG	1680
35	CTTATTATAA TCAACCTAGT ATTGAATATA AAAATGTGAC AGGTTATATC AGTTTCATTC	1740
	AACCAAGTAT TAAATTTATG AATATCATAG ATGGTAATTC TGTTAATAAT ATTGCTTTAA	1800
	TTGGCAAAGA TAAGCAACAT TATCATACGG GTGTACATCG TAATCTTAAT ATATTTTACG	1860
40	TTAATGAGGA TAAGAGATTT GAAGGTGCAA AGTACTCTAT TGGGGGTATC ACGAGTGCAA	1920
	ACGrTaAAGC TGTCGACCTA ATAGCAGAAG CAAGAGTTAT TAAAGAAGAT CATACTGGTG	1980
	AATATGATTA TGACTTTTTTC CCATTTAAAA TAGATAAAGA AGCGATGTCA TTGAAAGAGA	2040
45	TTGATTTTAA ATTAAGAAAA TACCTTATTG ATAATTATGG TCTTTACGGT GAAATGAGTA	2100
	CAGGAAAAAT TACAGTCAAA AAGAAATACT ATGGAAAGTA TACATTTGAA TTGGATAAAA	2160
	AGTTACAAGA AGACCGTATG TCCGATGTTA TCAATGTCAC AGATATTGAT AGAATTGAAA	2220
50	TCAAAGTTAT AAAAGCATAA CACATATACT TGATGACGAA ATAAGTTGAA ATTGAAATAG	2280
	AGAGGTTAAG TGACGATCAA ACGTTGCTTA ACTTCTTTTT AATGCTTAAA AATTATTTCA	2340

55

	TTAATAATAC TTCAATAATT GTTAAAAGGG GTTTAATGTG ATTATCTTAG AACGCCATCT	2460
	ATAATGATGT TGTATGATTC AAATTACGTA AAAAGACAAT CGAATATAAT ATAGATTGGA	2520
5	GCATACAATT ATGAAAATGA GAACAATTGC TAAAACCCAGT TTAGCACTAG GGCTTTTAAAC	2580
	AACAGGCGCA ATTACAGTAA CGACGCAATC GGTCAAAGCA GAAAAAATAC AATCAACTAA	2640
	AGTTGACAAA GTACCAACGC TTAAAGCAGA GCGATTAGCA ATGATAAACA TAACAGCAGG	2700
10	TGCAAATTCA GCGACAACAC AAGCAGCTAA CACAAGACAA GAACGCACGC CTAAACTCGA	2760
	AAAGGCACCA AATACTAATG AGGAAAAAAC CTCAGCTTCC AAAATAGAAA AAATATCACA	2820
15	ACCTAAACAA GAAGAGCAGA AAACGCTTAA TATATCAGCA ACGCCAGCGC CTAAACAAGA	2880
	ACAATCACAA ACGACAACCG AATCCACAAC GCCGAAAACCT AAAGTGACAA CACCTCCATC	2940
	AACAAACACG CCACAACCAA TGCAATCTAC TAAATCAGAC ACACCACAAT CTCCAACCAT	3000
20	AAAACAAGCA CAAACAGATA TGA CTCCTAA ATATGAAGAT TTAAGAGCGT ATTATACAAA	3060
	ACCGAGTTTT GAATTTGAAA AGCAGTTTGG ATTTATGCTC AAACCATGGA CGACGGTTAG	3120
	GTTTATGAAT GTTATTCCAA ATAGGTTTCAT CTATAAAATA GCTTTAGTTG GAAAAGATGA	3180
25	GAAAAAATAT AAAGATGGAC CTTACGATAA TATCGATGTA TTTATCGTTT TAGAAGACAA	3240
	TAAATATCAA TTGAAAAAAT ATTCTGTCCG TGGCATCACG AAGACTAATA GTAAAAAAGT	3300
30	TAATCACAAA GTAGAATTAA GCATTACTAA AAAAGATAAT CAAGGTATGA TTCACGCGA	3360
	TGTTTCAGAA TACATGATTA CTAAGGAAGA GATTCCTTG AAAGAGCTTG ATTTTAAATT	3420
	GAGAAAACAA CTTATTGAAA AACATAATCT TTACGGTAAC ATGGGTTTCAG GAACAATCGT	3480
35	TATTAAAATG AAAAACGGTG GGAAATATAC GTTTGAATTA CACAAAAAAC TGCAAGAGCA	3540
	TCGTATGGCA GACGTCATAG ATGGCACTAA TATTGATAAC ATTGAAGTGA ATATAAAATA	3600
	ATCATGACAT TCTCTAAATA GAAGCTGTCA TCGGAAAAAC AAGAAGTTAA GTGACAACGG	3660
40	TTTACATGTT GCTTAGCTTC TTTTATTATG CGTAATGATG TAAAAAGACG AATATTCATT	3720
	TGTTTGTAAG AGTGGCATTTC CTATGTCTTA AAAGTGACGA AACTTCAAAT GTGCCAAGTG	3780
45	TTGAATCACA TCAAAATCAT TTTTATTTAA CGAACATTAT GGATTTCTTA ATTTACTTAA	3840
	CGATGATTCA AATATAGTTA AACAAGGTTT AATGTGAATG GAGCAATACG CCATCTATAA	3900
	TAAAGCTGTA TGATTCAATG AATGTAATCG AACAAATCTA ATAATTACGA ATGGAGCATA	3960
50	CAACTATGAA AATAACAACG ATTGCTAAAA CAAGTTTAGC ACTAGGCCTT TTAACAACAG	4020
	GTGTAATCAC AACGACAACG CAAGCAGCAA ACGCGACAAC ACTATCTTCC ACTAAAGTGG	4080
55	AAGCACCACA ATCAACACCG CCCTCAACTA AAATAGAAGC ACCGCAATCA AAACCAAACG	4140

CGCCTTCAAC TAAAGTGACA ACACCTCCAT CAACAAACAC GCCACAACCA ATGCAATCTA 4260  
CTAAATCAGA CACACCACAA TCGCCAACCA CAAAACAAGT ACCAACAGAA ATAAATCCTA 4320  
5 AATTTAAAGA TTTAAGAGCG TATTATACGA AACCAAGTTT AGAATTTAAA AATGAGATTG 4380  
GTATTATTTT AAAAAAATGG ACGACAATAA GATTTATGAA TGTTGTCCCA GATTATTTCA 4440  
TATATAAAAT TGCTTTAGTT GGTAAAGATG ATAAAAAATA TGGTGAAGGA GTACATAGGA 4500  
10 ATGTCGATGT ATTTGTGCGT TTAGAAGAAA ATAATTACAA TCTGGAAAAA TATTCTGTCTG 4560  
GTGGTATCAC AAAGAGTAAT AGTAAAAAAG TTGATCACAA AGCAGGAGTA AGAATTACTA 4620  
AGGAAGATAA TAAAGGTACA ATCTCTCATG ATGTTTCAGA ATTCAAGATT ACTAAAGAAC 4680  
15 AGATTTTCCTT GAAAGAACTT GATTTTAAAT TGAGAAAACA ACTTATTGAA AAAAATAATC 4740  
TGTACGGTAA CGTTGGTTCA GGTAAAATTG TTATTAAAAT GAAAAACGGT GGAAAGTACA 4800  
20 CGTTTGAATT GCACAAAAAA TTACAAGAAA ATCGCATGGC AGATGTCATA GATGGCACTA 4860  
ATATTGATAA CATTGAAGTG AATATAAAAT AATCATGACA TTCTCTAAAT AGAAGCTGTC 4920  
ATCGGAAAAA CAAGAAGTTA AGTGACAACG GCCTACATGT TGCTTAGCTT CTTTGTGTAT 4980  
25 GTTCGATGAT TTGAGAACCC GAATTTTCGA TGGGTCCAAA TATGACGTGG AAGAGACCTG 5040  
AATTTATCTG TAAATCCCTA TCTATCGGGT GTGAAGCACA ACGGGATCAG TTTTATTTAA 5100  
CGAACATTAT AGATTCCTTA ATTTACTTAA TAATGATTCA ATGATTATTA AACATGGTTT 5160  
30 AATGTGAAAG GTCAAATACG CTAATATAA TAAAGCTGTA TGATTCAATA GACGTAAGCG 5220  
AACAAATCTA ATAATTACGA ATGGAGCATA CAACTATGAA AATGACAGCA ATTGCGAAAG 5280

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 545:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 886 base pairs  
(3) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
40 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 545:

45 AGTAAAATTG CCGGTATGAT GGACACAAAC GGTGACCTTG GTCAAGGTGA ATTAGCGATT 60  
AATCCACCTA AATCAGATTT gAACGAATTA CCTTGGGCTA CACGTAAAAA TAAACAGCCA 120  
50 GCTTCATCCG AAAAAgGTTT AAGTGGTCAT CATGGTAATG CAGCAATGCC TCAAACCAmA 180  
TTAGATTATC AAATATCTAT TGATAAGGTC GTTGAACAGG CGCAAAAAGC TGGTATTAAA 240  
AAGCCGTTTT CAATCGTATA TCCAAGTGAT AAAAATGGTA CCTTTATTGT ATCTAATACT 300

55

GATCAATATA GCGGTAAAAA GCTAGGTACG ATTAAATATG ATGACTACGG TATTATTGCT 420  
 AAATGGTTTA CATGGGGCAT TCCGCTTCAC GAAGGTCATT TATTCGGCAT TTAAATAAA 480  
 5 ATCATTAAAT TATTTGTATG TATCGCTTTA TTAGTAGCCA TTGGCATGGG GTTTGTCTCT 540  
 TGGATAAAGC GTACAAAAAA TACTGCAGTA AAAGTACCAC ATCGCGTAAA AAAACCAGCA 600  
 TCTATATCAC TCATAATATG TTTAATTGTA TTAGGATTAT TAATGCCATT ATTTGGATTA 660  
 10 TCACTTATCC TTGTATTTAT AATTGAATTA ATATTATATA TTAAAGATCG TCGTGCTAAA 720  
 CAATAATGCA CTTAAAGTTT TGAAGTACG AAATTTACAA AATGgATTCT CGTCTCTCTA 780  
 15 ATTACtTAAA ACGGGgTtCy AaTAATAAAT CgTACTGaTG GgAAAGTTTT TACTTTTTAt 840  
 CTGtCCGAtT TTTTnGAAWT TGAAGATAAA AAAGCATCTA AAACGC 886

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 546:

20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 4336 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

25

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 546:

30 GGCATTTGTG TCCTTATATA AGGAACTGTG tTAAATACAT TACTGTTGTT AAGTTGTTTT 60  
 TGTAATTCAA AGAGCAGAAC AGAGTAACAT CATCAGTTGT AGTAAACGAT AATCCGGTAA 120  
 AACAACTAAA TGAAATAATG AAAGTCATTT AACCTGAACA TTAAAATATA TTTGTTTTTC 180  
 35 ATTAAGAATA ATTCAAGTAT ATTTAAATCG AGGTTAATTA TCGTATGAAA CGATGCACGT 240  
 TATAATAAAA ATGTATGATT CAAATTACGT AATGAAAACA ATCCAATATA TTAAGATTGG 300  
 AGCAAATAAA TATGAAATTT ACAGCATTAG CAAAAGCGAC ATTAGCTTTA GGAATTTTAA 360  
 40 CAACAGGAAC TTTAACAACA GAAGTTCATT CAGGTCATGC AAAACAAAAT CAAAAGTCAG 420  
 TAAATAAACA TGACAAGGAA GCATTATACC GATACTACAC TGGAAAGACT ATGGAAATGA 480  
 AAAATATTAG TGCTTTGAAA CATGGTAAAA ACAACTTACG TTTTAAGTTT AGAGGTATTA 540  
 45 AGATTCAAGT TTTACTGCCT GGAAATGATA AAAGTAAATT TCAACAGCGT AGTTATGAGG 600  
 GGTTAGATGT TTTCTTTGTT CAAGAAAAAA GAGATAAGCA CGATATATTT TATACTGTTG 660  
 50 GTGGTGTAAT ACAGAATAAT AAAACATCTG GAGTTGTCAG TGCACCAATA TTAAATATTT 720  
 CAAAAGAAAA GGGTGAAGAT GCTTTTGTGA AAGGTTACCC TTATTACATT AAAAAAGAAA 780  
 AAATAACACT AAAAGAAGT GATTATAAGT TGAGAAAGCA TCTAATTGAA AAATACGGAC 840

55

	ATAACCTTGA TTTAAGATCT AAATTAAAAT TTAAATATAT GGGGGAAGTC ATAGAAAGCA	960
	AACAAATTAA AGATATTGAA GTTAACTTAA AGTAAATCAT TACGAATAAT TAAAAGTAAT	1020
5	TGAAGCGGCT TAACGGTGAA ATGTAAATTG GTGCGCATAG CTTATACAAA AAGGATGCAT	1080
	CAATCGATAT CGTCGTAAAG CCGTTTTGGT TTGTGTGTCA TGAATCCTAT CCCAATCTCC	1140
10	ATAAAGGTAA AATTTCCACC ACCAACATCA AAATTCTCCA CATCGCAACA TAACCAAATG	1200
	TTATAATAAA TCTATTACAC AAAGAGATAA ATTACTTATT CAAAGGCGGA GGAATCACAT	1260
	GTCTATTACT GAAAAACAAC GTCAGCAACA AGCTGAATTA CATAAAAAAT TATGGTCGAT	1320
15	TGCGAATGAT TTAAGAGGGA ATATGGATGC GAGTGAATTC CGTAATTACA TTTTAGGCTT	1380
	GATTTTCTAT CGCTTCTTAT CTGAAAAAGC GGAACAAGAA TATGCAGATG CCTTGTGAGG	1440
	TGAAGACATC ACGTATCAAG AAGCATGGGC AGACGAAGAA TACCGTGAAG ACTTAAAAGC	1500
20	AGAATTAATT GACCAAGTCG GTTACTTCAT TGAGCCAGAA GATTTATTCA GTGCGATGAT	1560
	TCGTGAAATT GAAACGCAAG ATTTGATAT CGAACACCTG GCGACGGCAA TTCGTAAAGT	1620
	TGAAACATCA ACATTAGGTG AAGAAAGTGA AAATGACTTT ATCGGTCTGT TCAGCGATAT	1680
25	GGATTTGAGT TCAACGCGAC TAGGTAACAA TGTCAAAGAA CGTACTGCTT TAATCTCTAA	1740
	AGTCATGGTT AATCTTGACG ACTTACCATT CGTTCACAGT GACATGGAAA TTGATATGTT	1800
30	AGGTGATGCA TATGAATTCC TAATTGGGCG CTTTGCGGCG ACAGCGGGTA AAAAAGCAGG	1860
	CGAGTTCTAT ACACCACAAC AAGTATCTAA GATACTGGCG AAGATTGTCA CAGACGGTAA	1920
	AGATAAATTA CGTCACGTGT ATGACCCAAC ATGTGGTTCA GGTTCACTGT TGTTACGTGT	1980
35	TGGTAAAGAA ACACAAGTGT ATCGTTATTT CGGTCAAGAA CGTAACAATA CTACATACAA	2040
	CTTAGCACGC ATGAATATGT TATTACATGA TGTGCGTTAT GAGAACTTCG ATATCCGTAA	2100
	TGATGACACA TTGGAAAACC CAGCCTTTTT AGGCAATACA TTTGATGCGG TTATTGCGAA	2160
40	CCCACCGTAT AGTGCGAAAT GGAATGCAGA TTCAAAGTTT GAAAATGACG AACGATTCAG	2220
	TGGTTACGGC AACTTGCGC CTAAGTCTAA AGCAGACTTT GCCTTTATTC AACACATGGT	2280
45	ACATTACCTA GACGATGAAG GTACCATGGC CGTTGTACTC CCACATGGTG TATTATTCCG	2340
	AGGTGCTGCA GAAGGTGTCA TTCGTCGTTA TTTAATTGAA GAAAAGAACT ACTTAGAAGC	2400
	TGTGATTGGT TTGCCAGCGA ATATTTTCTA TGGGACAAGT ATTCCAACAT GTATTTTAGT	2460
50	ATTTAAAAAA TGTCGCCAAC AAGACGACAA CGTACTATTT ATCGATGCAT CCAATGATTT	2520
	TGAAAAAGGA AAAAATCAAA ATCATTAAAG CGATGCCCAA GTCGAACGTA TTATAGACAC	2580
55	ATATAAGCGT AAGGAAACAA TTGATAAATA TAGCTACAGC GCGACACTAC AAGAGATTGC	2640



EP 0 786 519 A2

	GATTGATTTA GATCAAGTCC AACAGATTT GAAAAATATC GATAAAGAAA TCGCAGAAAT	2760
	TGAGCAAGAA ATCAATGCAT ACCTGAAAGA ACTTGGGGTG TTGAAAGATG AGTAATACAC	2820
5	AAAAGAAAAA TGTGCCAGAA TTGAGGTTCC CAGGGTTTGA AGGCGAATGG GAAGAGAAGC	2880
	AGTTAGGGGA TCTTACAGAT AGAGTAATTA GGAAAAATAA AAACCTTAGAA TCGAAAAAGC	2940
	CTTTAACAAT ATCCGGACAG TTAGGTTTAA TTGATCAAAC AGAATATTTT AGTAAATCAG	3000
10	TTTCGTCGAA AAATCTAGAA AATTATACAC TAATAAGAA TGGAGAATTC GCGTATAACA	3060
	AAAGTTATTC TAATGGATAC CCATTAGGGG CTATTAAAAG ATTAAC TAGA TATGATAGTG	3120
15	GTGTATTGTC CTCTTTGTAT ATTTGTTTTT CTATTAAAAG TGAAATGTCT AAAGACTTCA	3180
	TGGAAGCATA TTTTGATTCTG ACACACTGGT ATAGAGAAGT TTCTGGAATT GCAGTTGAGG	3240
	GTGCAAGAAA TCACGGATTA TTAAATGTTT CTGTGAATGA TTTTTTTACT ATTCTAATTA	3300
20	AATATCCAAG TTTAGAAGAA CAGCAAAAAA TAGGCAAGTT CTTCAGCAA CTCGACCGAC	3360
	AAATTGAATT AGAAGAACAA AAGCTTGAAT TACTTCAACA ACAGAAAAAA GGCTATATGC	3420
	AGAAAATTTT CTCACAGGAA CTGCGATTCA AAGATGAGAA TGGTGAAGAT TATCCAGATT	3480
25	GGGAAAATAG CAAAATAGAA AAATATTTAA AAGAGAGAAA CGAACGTTCT GACAAAGGGC	3540
	AAATGCTTTC AGTAACTATA AATAGTGGCA TTATAAAATT TAGTGAATTG GATAGAAAAG	3600
30	ATAATTCAAG TAAAGATAAA AGTAATTATA AAGTAGTTAG GAAAAATGAT ATTGCATATA	3660
	ATTCTATGAG AATGTGGCAA GGGGCTAGTG GTAAATCAAA TTATAATGGG ATTGTTAGCC	3720
	CTGCATATAC TGTGCTTTAT CCAACACAAA ATACTAGCTC ATTATTTATT GGATATAAGT	3780
35	TTAAACACA TAGAATGATT CATAAATTTA AAATTAATTC ACAAGGATTA ACATCAGATA	3840
	CATGGAAGTT AAAATATAAA CAATTAAAA ATATAAATAT AGATATACCT GTATTGGAGG	3900
	AACAAGAAAA GATAGGTGAT TTCITTTAAAA AAATGGATAT ATTGATAAGT AACAGAAAA	3960
40	TGAAAATTGA AATATTAGAA AAAGAGAAAC AATCCTTTTT ACAAAAATG TTCTTATAAC	4020
	TTTGATAAAT ACATAGATTG CATAAGAATA AAATTTGTAT AATTTAACAT AAAAGTTGTA	4080
45	AAAGTAAAGT GAATTAAAA CGAACATTAA ATTTAGGCAC TGTGAAAGCG CAGTGTCTTT	4140
	TTTGTGTCGA AATTGTGTAC AGAATAAGTA GTTAAATAAA GATTAAGTTG AGATAAAGTG	4200
	TTATTCGTAA ATAAAAGAGA GTAGATCGAT AGGAATTGAA TGATATTAGT TAACTATTTA	4260
50	TTAAATTACT TAATAATGAT TAATTTTTAG TTAAAGTAAG TTTAATGTGA AGCACGACCA	4320
	TTGCTCATT TAATGA	4336

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 547:

55



(A) LENGTH: 487 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 547:

10	TAAGCTATCT GAGATAATTG CTGATAACAT TAAACCGGCA ATTTTCAGGT TAATTTCAAA	60
	GCCACGTTCT CTAAACATTT TGTATAAAAT TGTAGCTGTA CAACCAACTG GTTCAGCACG	120
	ATAACATAAA GGACCAGCAG TTTCGAAATT TGCAATTCTG TGATGATCAA TTACATGCTT	180
15	AATTGTAGCA GAGGCAATCG TATCAGAACT TTGTTGGaAT TCGTTATGAT CAACTAAGAT	240
	AACATCTTGA CCATCTAAAT CATCTGTAA TAATTCCGGA GCAGGTACAT TAAATGTATC	300
	TAACGCGAAT TGAGTTTCTG CACTCACATC ACCTAAACGG TATGCTTTGG CTCCTGAATT	360
20	ACCTCGAAGT TGTTCaAATT CTGCCaTAAT AATCGCAGAT GAAATTGCAT CAGTGkCTGG	420
	aTTCTTATGT CCGAAAATAT ATGTTTTAGC CAnTGTCAA TATCTCCCTT GTAAATTGTA	480
25	TTCTTTA	487

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 548:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 871 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

35

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 548:

	TTGGTGGTGC AGCAGTTATA GCAATTGTTT TAGCATTCAT TGGTAAGTTC ACTGCATTAA	60
40	TTTCTTCTAT ACCTACmCCA GTTATGGGAG GAGTATCTAT ATTACTTTTC GGTATTATTG	120
	CAGCAAGTGG CTTAAGAATG TTAGTTGAAA GCAAAGTAGA TTTTGCGAAC AATCGAAATT	180
	TAGTTATAGC TTCTGTAATT TTAGTTGTAG GTATCGGTAA TTTAGTATTT AACTTAAAAG	240
45	AAATTGGTAT CAACCTTCAA ATTGAGGGGA TGGCATTAGC TGCACTTTCA GGAATTATTT	300
	TGAACTTAAT CTTACCTAAA GAGAAAAAAC AAAACAATTA AGATTTACAA ATTAAGGAGG	360
	GCGCTTTTAT GAATCATTTA TTATCAATGG AACATTTATC TACAGATCAA ATATACAAAC	420
50	TTATCCAAAA GGCAAGTCAA TTAAATCTG GTGAACGTCA ACTACCAAAC TTTGAAGGGA	480
	AaTATGTCGC AAATTTATTC TTTGAAAATT CTACTCGrAC AAAATGTAGT TTTGAAATGG	540
55	CAGAACTTAA GCTAGGGTTA AAAACGATTA GCTTTGAAAC ATCAACATCA TCTGTTTCAA	600

TCATTAGACA TCCGTTTAAT AACTACTATG AAAAATTAGC GAATATTAAC ATCCCAATTG 720  
 CGAATGCTGG TGATGGTAGT GGACAACATC CAACACAAAG TTTACTTGAT TTAATGACGA 780  
 5 TATATGAAGA ATATGGATAT TTTGAAGGCT TGAATGTATT GATTGTGGA GAcATTaAAA 840  
 ATTCACGTGT CGCACTAGTA ATTACCAaAG T 871

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 549:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 400 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 549:

20 TCAATCTAAT ATATACTTCA TGACTTCCCG CCAAAGGCGC AATCGTAGGA TTAGTCTGTT 60  
 TATCGATAAG ATCTATTAAT ATTGTTTCTA CTTTAGATTG ACCTATTCCC GCAAATCTTA 120  
 ATAGTTCAGA ATGTATAATT CGATTATGGT TTATAAAATG TGACAACAAT TCATTTTTCA 180  
 25 CCATTGGTTG CATTTCTTTC GGTGGACCTG GTAATAAAAT AATTGTGTTG TTTTCAAAT 240  
 TCACCATCAT TCCTGGAGCC ATGCCATGAT GATTGTGTTAA TACAGTTGAA CCTTCAATTA 300  
 CTAAAGCCTG TTGTCTATTA TTAGGTGTCA TTTCTtGTCC TTGTTCTCA aAAwAGCTTT 360  
 30 CAATATATTG AAAGAAGGCT CATCAATAAC TAAATCTnTA 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 550:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1523 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 550:

ATACCTCCAG CTAGAATACC AGCGTATTTT ATAAAATACT TCCTCCATTC AACTATATCT 60  
 45 ATATTTAATT ATTTAAATTT CGTTGCATTT TCCAATTGAA AACTCATTTT AAAATCAAAA 120  
 CTCTAAATGT CTGTGTATTA CTAAAATTA TACATATTTT GCTTATATTT TAGCATATTT 180  
 TGTTTAAACC TATATTACAT TATATCAGAC GTTTTCATAC ACAAATAATA ACATACAAGC 240  
 50 AAACATTTTCG TTTATTATTT ATATCACTTA ACTAATTAAT TTATAATTTT TTATTGTTTT 300  
 TAAGTTATCA CTTAAAAATC GTTTGGCaAA TTCGTTGTGA CGCTTGTCCTA TCTTCTAATG 360

TTTGTTTAA TGCATCAATG AGTGCTGTTT GATTTTCAAC AATTGGACCT GGCAACTCTT 480  
 TTTTATAATC CATGTAAAAA CCTCTAAGCT CATCGCCATA TTTATCTAAG TCATATGCAT 540  
 5 AGAAAATTG CGGACGCTTT AATACACCGA AGTCGAACAT GACAGATGAG TAGTCGGTAA 600  
 CTAACGCATC GCTGATTAAG TATAAATCCG AAATGTCTTC ATAAtCTGAA ACGTCTTTCA 660  
 CAAAATCATC ATGTTTCATCA ATACGTGTCA CAACTAAATA ATGCATGCGT AAKAAAATAA 720  
 10 CATATTCATC ATCCAGCGCT TGACGCAAAG CTTCTATATC AAAGTTAACA TTAAATTGAT 780  
 ATGAACCTTC TCGAATCGCT TCATCGTCAC GCCAAGTTGG CGCGTACATA ATCACTTTTT 840  
 15 TATCTAATGG AATATTTAAT CTTGTCTTAA TACCATTAAT ATATTCAGTA TCATTGCGTT 900  
 TATGTGATAA TTTATCATTT CTTGGATAAC CTGTTTCCAA AATCTTATCT CGACTAACAT 960  
 GAAATGCATT TTGAAATATC GATGTCGAAT ATGGATTAGG TGACACTAGA TAATCCCACC 1020  
 20 GTTGGCTTTC TTTTTTAAAG CCATCTTGGT AATTTTGAGT ATTTGTTTCT AGCATTTTAA 1080  
 CGTTACTAAT ATCCAAACCA ATCTTTTTTA ATGGCGTGCC ATGCCATGTT TGTAAGTACG 1140  
 TCGTTCGCGG TGATTTATAT AACCAATCTG GTGTACGTGT GTTAATCATC CwCGCTTTCG 1200  
 25 CTCTTGGCAT CGCTAAAAAC CATTTTCATTG AAAACTTTGT AACATATGGT ACATTGTGCT 1260  
 GTTGAATAT GTGTTTCATAT CCTTTTTTCA CACCCCATAT TAATTGGGCA TCGCTATGTT 1320  
 CAGTTAAGTA TTCATATAAT GCTTTGGGGT TGTCGCTGTA TTGTTTACCA TGAAAGCTTT 1380  
 30 CAAAATAAAT TAGATTCTTG TTTGGCAATT TTGATAGTAA TTTAAAAGTC GTATATATAC 1440  
 TATGTTCTAT CAATTTTTTA ATTGTATTTT TAATCATGTC GTACCTCCGA CGTGTTTTTG 1500  
 35 TAATTATATT AATATGTATG AGC 1523

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 551:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 40 (A) LENGTH: 4923 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 551:

CAGTAAGAGA TTTTCTTAAT TGAAAATAAT CTTACTGCTT TTTTAAATTT AATTTCGAGA 60  
 50 TTCAATATTA GTTTATCTCA TTGTGGCATT AATTGATAAA ATTGTTTTAA TGTATATAAT 120  
 CAAAGTCTTC TTCAACAATT TCAATGTCTG CATCAGATCT ATGATATGTG AAAAAGCTAA 180  
 TTCTTATGCG GTCTAAATGC TCTAAATGGT GTCGATACTC TTCGATGGCT GCAACAATTT 240

55

	ATGTGGACAA TAAATCTTTT TTCTGCGGAT TATCTAACTC ATAATCAACA TGTGTCACAT	360
	TATAACGTGC TTTTTTAGAA AGGCTAGCTA AAATTTGCTC GTGAAAAGCA GTTAATGAAT	420
5	CTAAATCTAA TTTGATTTGT AATAGGAAAT TGTTATTAAG TAAATATAAG TCGTTTTGAT	480
	AACGCGACAA TTTGTTTAAT ACTTCATAAG CTTGTCTAGT CGTCTGAACT ACTTCTCTGA	540
	AAAGTATTTT CTTTCTATT C TGTTGGTGAA TATGTTTTTT TGTAATAGGA CGTTCCTCGC	600
10	TATAGTAATC ATAAATTTTC TCTAACTTTT CGACACGTTG TTTTAAATTA TGACTATCTT	660
	GTTTAATATT ATTAAACTCC GTCGTATCAT TTAATACTAA TTTAAACCAC ATAAAAATAT	720
	CTGAGGATAT ATTTAATGAA TTATAGTAAA TTTTGTTC AAATTTAGGT GGTAGAAACA	780
15	CAAAGTTAAC TAGAGATGAA CTTATGACAC CAATCATTAC AAGTACAAAC CTGTAAAAGG	840
	CGGTAATATA GAAAGAACCG GTATGTTGTC CCATAATGAT TAATGCTGTT ACACTCGCCA	900
20	AAGTAGCAAC ATGTGCTAAA TTAAATTTAA ATAAAATAGC AATAAGTACT ATGACGGTAA	960
	CACCCATAAT GATAAAATTA TCACTAAAAA TTGTTACCAT TGTAACAGAT AGTATGGCAC	1020
	CTATAATGTT ACCCAATGCT TGATCAGAAA CTGTTTTAAA TGAACGATAA ATACTAGGTT	1080
25	GCATTGCACA ACAGCACTGA CACCAGCTAA GGCTTTCAGA CCAACATCAT CCGGTAGTAA	1140
	AGAAGCGATA GACATAGCTA AAATAATGGC TATACCAGTT TTAAAAATCC GAGCTCCTAG	1200
	TCTCAAAAAT AATGACGCCC CTTTAAAGTT TATTGAATAT CTAATATTCG TATTCATTAC	1260
30	TGTTATACAC TTACTAGTTA CAAAATTCAA GCTTATTAT AGTTGTAAA ATAAATCATA	1320
	CATAATACTG ATAGCGATGT AAAACTTTAG TCAGAGATTA AAATAGTATA AATTTGTAAA	1380
35	ATAAAAACCTC ACATAGTGAC ATATCAAGTT AAACGTTAAT AGTTAACGAT ATAAAATGAA	1440
	TCTACTATGT GAGCATTTGC TTTATTTTAA TTCAATTAAA AATATACTTC CTTAAAAGTT	1500
	ATTTCAATTTG ACTAAAAGCA TAGTCTGCAG CTTTAAAGT TTGTTTAATA TCTTCTTCTG	1560
40	TATGTTCACT TGTTAAGAAC CAAGCTTCAA ACTTAGAAGG TGCTAAATTG ATACCTTGAT	1620
	TTAACATTAA TTTGAAAAAT TTACCGAACG CTTGCGCGTC AGAATGTTCA ACTTGATCAT	1680
	AATGTGTGAC TTTTTCATCT GTAAAGTACA ATGTTAAAGA TCCATAAATA CGATTAATTG	1740
45	TAGCTGTGAT ATTATGTTTT TCGATTAATT TAAGTAAACC TTCTTCTAGT TGTTGGCCTA	1800
	AGCTGTCTAA TTTTTCATAA ACACCGTCTT GTTCTAGTAC TTCGAGTAAT GCAATACCTG	1860
	CTTTCATAGA TAACGGGTTA CCAGCCATTG TACCAGCTTG ATATGCAGGT CCTAGAGGTG	1920
50	CTACTTGTTT CATAATATCT TGACGTCCAC CATAGCCTCC AATTGGTAAA CCACCGCCAA	1980
	CAATTTTACC AAATGCAGTT AAATCAGGGA TAACACCTAA TAAATCTTGA GCGGCACCGT	2040

55

	AAATTTTCATT AACCTCTTCT AAAAATCCAG GTTGAGGCAT TACCATTCCA AAGTTACCAA	2160
	CAATTGGTTC TACTAATACT GCGGCAATTT CATCACCCCA AAATTCAATT GCTTCTTTAT	2220
5	AGGCGTTAAT ATCATTGAAA GGTACAGTAA TGACTTCACG TGCGACGCTT TCTGGAACAC	2280
	CAGCTGAGTC TGGAGAACCG AGCTGAGATG GGCCGCTACC TGCTGCAACC AATACTAAAT	2340
	CAGAATGGCC ATGATAAGAT CCAGCAAATT TTATAATTTT ATTTCTTTTA GTATATGCAC	2400
10	GTGCAACACG AATTGTTGTC ATGACTGCTT CTGTTCCAGA ATTTACAAAG CGAATTTTCT	2460
	CAAGAGATGG AATTGCATCA CGTAATTTTT TGCTGAATTC AATTTCTAAT TCAGTCGGTG	2520
15	TACCAAATAA AACACCTTTA GCAGCTTGTT CTTGAATTGC TTTAGTAATA TGAGGATGTG	2580
	CATGCCCCGT AATAATTGGA CCGTATGCTT GAAGGTAATC AATAAATTTA TTGCCATCGA	2640
	CATCATATAA ATATGCACCG TGTCCTTCTT TCATAACAAC AGGTGCACCG CCTCCTACAG	2700
20	CTTTATAAGA ACGAGAAGGG GAATTGACAC CGCCTAGAAT ATATTCGTTT GAAAGTTGTT	2760
	GTAAACGTTT ACTTTCACTA AAATTCATTT ATATCAACCT CTTTTAATTT AATATTTTCA	2820
	TCTAATATCG TATCATAAAA TTATTATAAT GAAGAAAAAG GTGATTATAT GTTGCAAAAA	2880
25	GGAGAACAAT TTCCAATATT TAAATTAGAA AATCAAGACG GAACTGTCAT TACAAATGAT	2940
	ACATTAAAAG GTAAAAAGGC GATTATATAT TTTTATCCTA GAGATAATAC ACCTACTTGT	3000
	ACCACAGAAG CTTGTGACTT TAGAGACAAT TTAGAAATGT TCAATGATTT AGATGTTGCA	3060
30	GTATATGGTA TAAGCGGTGA TTCAAAGAAA AAACACCAAA ATTTTATTGA GAAACACGGA	3120
	TTGAATTTTCG ATTTATTAGT AGATGAAGAT TTAAATTAG CTAAAGAAAT GCGGTATATC	3180
35	AGTTAAAAAA ATCATTTGGC AAAGAAAGTA TGGGCATTGT AAGAACGACT TTTATAATAG	3240
	ATGAACAAGG TAAAGTATTA GATGTTATCG AGAAGGTTAA GGTAAACA CAAATAGAAG	3300
	AACTTAAAAA CATTTTGGGG TGACATATAT GAAAGTTGTT GGGTTAAATC GTATGCGTGA	3360
40	AGTTGAAACT GAATTACAAC AACGCTTTTC AGATTTAGAT TTAAATTTT ATAAAAAGC	3420
	ATCAGAAATA CCTGAGAGCG ACTTGGCTGA TTTAGATATA TTAGTTGGTT ATGATGGCGG	3480
	TATCAATGAG GCATTTTTAC GACGTTGCCC GAATTTAAAA TGGATTGCAT GGTTTGCAAC	3540
45	GGGTGTAAAT ACATTGCCGT TAGATTATAT TGCAGATCAC GGCATACTTT TAACTAATGG	3600
	AAAAGGTGTT CAAGCTAAAC AATTATCTGA ATACATTTTA GCTTTCATTT TAGATGATTA	3660
50	TAAAAAGATG AAACATCAT ATGATAACCA ACGACAACAT ATATATGATT CGAAAATAAC	3720
	TGGTAAACGC CTATCAGGAC AAACAGTTTT ATTTTLAGGT ACAGGTGCAA TTGCTACTAG	3780
	AACTGCGAAG TTAGCAAAGG CTTTTAATAT GAATTTAATT GGTCTGAGCA AGTCAGGTCA	3840

55

TGCTGACATT ATTATAAATG CTTTACCAGA AACGCAAGAA ACGATTCaTT TaCTAAAGAA 3960  
 AAAACATTTT GAATTAATGA AAGATGAAGC ACTTTTTTATA AATATAGGAC GAGGTAGCAT 4020  
 5 AGTTAAAGAA GCGCTCTTAA TAGAAGTATT AAAAAGTAAA GTTATTTCGAC ATGCATATTT 4080  
 AGATGTGTTT GAAAATGAAC CTTTGAAACC TAATCATGAA TTATATGAAT TGGATAATGT 4140  
 AACTATAACA GCGCATATAA CTGGTAATGA TTATGAAGCA AAGTATGACT TATTAGATAT 4200  
 10 TTTTAAAAAC AATCTAGTTA ATTTTCTCAA TAAGAATGGT CTAATTGAGA ATGAAGTTGa 4260  
 TGCTAAAAAA GGCTATTAAA TGArATCATC ATGTAAATAT TGACACGCGC GCAATACTAC 4320  
 15 AGTTATATTT aTAGTAagTt AATaATgATT ATATAAGAAa GATGGTgATA TAGATGAGTG 4380  
 TTGAAATAGA ATCAATTGAA CATGAAGTAG AAGAATCAAT TGCATCATTG CGACAAGcAG 4440  
 GCGTAAGAAT TACACCTCAA AGACAAGCAA TATTACGTTa TTTaATTTCT TCACATACTs 4500  
 20 ATCCAACaSc TGaTGaAATT TATCAAGCAC TTTCACCTGa TTTTCCAAAT ATAAGTGTTG 4560  
 CGACAATATA TAATAACTTA AGAGTGTTTA AAGATATTGG AATTGTAAAA GAATTAACAT 4620  
 ATGGAGACTC ATCAAGTCGA TTCGACTTTa ATACACATAA TCATTATCAT ATTATATGTG 4680  
 25 AACAATGTGG TAAGATTGTT GATTTTCAAT ATCCACAGTT AAATGAAATT GAAAGATTAG 4740  
 CTCAGCATAT GACTGACTTT GACGTAACAC ATCATCGAAT GGAAATTTAT GGAGTTTGTA 4800  
 AAGAATGCCA AGATAAATAA TTAACTTTG GTAGTATGAC AAATTAAAAA AGCGTTACTW 4860  
 30 ACTTCATATA AGTAAGCGTA ATATTTAAGA nGTAAACGA CATGaAAGTt GTTTAACTTT 4920  
 TTT 4923

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 552:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 917 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 552:

45 TCCGGCTTTA AAAACTTTTC CCAATTCCAG CTTGGGCCTT TGGCATTAAAT ATTAACCTCC 60  
 TGGTTCGGAT TAATTGGGAA CCTAACChTT TAGGCAATAA TTGGTTTAGG CAACTTCCAA 120  
 50 ATTGGTGGTT CAACCAACGT CTTTGGATAC CyTGcTCATT TAATTCTAAA ATGgTyrGAA 180  
 CGCATTTTGG TACCCAAAAt GgTGACGTTC GTTTCACGG TCTAATAAAT TGTCTAAGTT 240  
 GTCGATTGGT TTCATTAATT GAaCACCATT TTGCTCTTCA GCAAGACCTT TGTCTACTTT 300



GCGATCCATT GTTTGTTCGA AAAGAATAGC ACCCAAATTT TTATCTGGTG AGAATGAAGG 420  
 TGAAGTTACC ACACGTGTAC GCATATCGTG AACAAAGTTGG AACATTTCGT CTTCAATTGCT 480  
 5 ATATTGATCT TCGTTTACAC CATATTCTTT AAGTGCTTTT GGTGTACTAC CACCACTTTG 540  
 GTCTAATGCG GCAATAAAGC CTTTTCATT TTTCAATTTT TCTAATTGCT CTTTATTCAT 600  
 ACTTTCCTACT CCTTAACTTT TCAATACACC TCCAGTATGA TAAAAATGAG AACATTTCTC 660  
 10 AAGTCATAAA CCTTGAAAAG TGTATAAAAT GTGAAAATA ATTGTCAGTT TAATTAAAAA 720  
 TATTATTTTA TTCTAGGTAT GACTAACGCC ATTAATGACA TAAAGAAAAT ATGTGTAATA 780  
 15 ATCCAACCGA TTAATTCTGT CACACTAAAT TGAAAAATTG GACGTTGCGC AATAAATACT 840  
 AAAAAGGGAT ACAATGCTAT AAATAAGAAA AATAAAGGGA TATAACATAG ATAGTAAAGC 900  
 CTTTTAGAAG TATGAAA 917

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 553:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 432 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - 25 (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 553:

30 ACTCCCATAT CCACTGGCAA GATTTATAAT TTGTAATTCT AAAGTATAAT AGCCTATATT 60  
 TTTCAAAATC TCTTTTTTTA TGATTAACAT CCCTCTAAGT GCACCTAAAG GTTTTTATGT 120  
 35 AATGTATTAA ATATTTCCAT TTATACATAT ACATCTTGTA TAAAAAGAAA GAACTCCATA 180  
 TATACTCAAA AGGTATACTG AAGCTCTATA TATTATATAA AATTATTATA CTATTTTGAA 240  
 AAACATAAGT AAATCACTAA ACATGATTTT TTTCACTTTT AGAAACTTTT TAATACTATA 300  
 40 AAAGCACCCA CTCAGTCACT AGTTTGGGCA GTTATTGTAT GCCTATTGaA CTCAATGCgT 360  
 ATATTACAAT ACCTTTTtCG CATATTCATA TAAGacTTTG CATCTTTAAG CTTAATTGCT 420  
 ATCTCTTTCT CT 432

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 554:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1374 base pairs
  - 50 (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

TTTTGCTTTA TGTAAATGG ATTATTaTTA GAATAAAAAA TCGGTGATGA GCTAAAAAAG 60  
 TGTGTAGGAT GTTTTCCKAA CCCAATTTTT ACATCCGAAG ATATCGAACA ATATCTTCCT 120  
 5 ACTTCTACAT TATTAAAATC ACTACCAAAT CCAATATAAC TGTATTCACC AATGTGAGAA 180  
 TTCCTGATTT TACACCATCT ATCTATATAG TTATFGCCAT CAAATTTTGA GTTTGTAATA 240  
 TACGCCAAGC GATGAATCTT AACATTCGAT TCTTTAGAGG ACTGGTTTTT CAGCAAACCA 300  
 10 ATTATCTTTT CAATCGCTAT CCTCATCGTC ATTTCTCCA AGTATTTTGA TTGATAATAT 360  
 CTTTATAGCT TTGAATAATT TTAACACCT TTGTCGAAAC GTTAGTGTCT TTATAATCAA 420  
 TAGCATCAAT CATCGGTTCG TTATTGTTTT GCATCTCTCT TGCTAGTTCA ACGGATTGGA 480  
 15 TTAGATTGTT ATAGGTAATA CCACCTACAA TAACCGTACC TTTATCTAGT ACTTCCGGTC 540  
 TTTCTGTGGA AGTTCGAATA AGGACACCAG GGAACCTCAA AATAGACGAC TCTTCTGACA 600  
 20 ATGTTCCACT ATCTGATAGC ACAACAAATG CATCTTTTTG CAATGCATTA TAATCAAAGA 660  
 AACCAAATGG CTTTAACTGT TTAACAAATG GATCAAATTC AAATTTACTT TCTTCAATTT 720  
 TCTTCCAAC TCTTGGATGC GTTGAATAAA TCACAGGCAT TTTATACTTT TTGGCAATAT 780  
 25 CATTATCGC ATTCATTAAT GATTTAAAAT TCTTTTCATT ATCGATATTC TCTTCTCTAT 840  
 GCGCAGaTAC TAAAATGTAT TGTTGCGGTT CTAATCCTAG TTTATTTAAA ACGTCACTGT 900  
 GATTAATTTT ATCTCGATGC GCTTCTATCA CTTCTGTCAT CGGTGATCCT GTYACAAAGA 960  
 30 TATTCGCTTT ATTGAAGCCT TCATCTAATA AATAACGTCT GCTATGTTCC GTATAAGGTA 1020  
 GATTCACATC ACTGACATGG TCAACAATTT TACGATTGAT TTCTTCAGGT ACATTCTGAT 1080  
 35 CAAAGCATCT ATTACCCGCT TCCATGTGGA ACACAGGAAT CTTTAATCGT TTAGCAGATA 1140  
 CTGCTGCTAA ACAACTATTT GTATCACCAA GAATTAAAAG TGCATCTGGT TGTTGCGGTA 1200  
 ATAAACATC ATATGTCTTC GCAATAATAT TCCCCatCGT TTCTCCAnGt TACTTCCAAC 1260  
 40 TGCCTCTAAG TAGTGGTCCG GTTGTCTTAA TTCCAAATCA TCAAAGAAAA TTTGATTCAA 1320  
 TGTATAATCA TAATTTTGAC CAGTGTGTAC TAATATCTGA TTAnAAATAT TGAT 1374

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 555:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1472 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 555:

TTACCTCTAG GCATGTCCCT TTCACGGTTT GCTTATGATA ACGTTATCGA CATTGTTAAA 120  
 TTGTCCTTTT TGAAAAAATA ATTCTGGTGA GATAGACGCT ACTTGGAATT CaTCaGTTTG 180  
 5 TAAtAACGCA GtATAAtTAC CaTTACTAAA tTGaGTTAAT CGTTCaTATA AAGTACTAAT 240  
 AGGATAATAA ATGTTATCCG TTAAGCGCGC CGTATAGTTC ACTTGATACG TTTCGCCTTC 300  
 AACAATTGCT TGTGACAC GTTTAATATT AGTCATCATA ACCTCAGAAG ATTCAACAAA 360  
 10 TGAAAAATGA TACTTTGATA CATAAGAAGT TTGATGTTCA TATGTTGAAT TTATGCTTTC 420  
 CGCTTTTTC AACTATAAG CTGCTGCATA AATATCATCT TTAGCTAATG AATGTGTACA 480  
 CATAGCATGA TTAAAATACT TTGCCGCTTC GTAACCTAAA TATAACGAGA CATATCTACC 540  
 15 TTGTCGTKgt GCGCTTGTGC AAAGTGTATC ACTTCTCCCA CATCAGCCAA CTTAGTAGCA 600  
 ACATACTTCT TTATAAATCC CTTTAATTGA ATATGGTATT GCTTATATTC ATTTTCAGTT 660  
 20 AAATAGTAGC GATAATTATA TTCTATTCTC ACAGTAATCA CCTACCTTCG ATAAAAATAA 720  
 TTCAACTTGT CGATAACCGT ATCACTCAA AATAGATTCA GGATGATATT GCACACCAA 780  
 AACCGGAAAT CTAATATGCT CAAATGCCAT AATAATCGCT TCATCGTTTT TTGCTGTAAT 840  
 25 CTTTAAGCAA TTTGGAAAAG TCGCTCCGTC AGCAATTAAT GAATGATAAC GCATTACATT 900  
 GAAATTTTGA GGCAGTCCTT GAAAATACC TTCATTGGTA TGGCGTAACT GTGTAGTATG 960  
 TCCGTGTACA GGATGATAGC CGTGAATGAT ATTTCCACCA AAATAAGACA CGATACATTG 1020  
 30 AAATCCTAAA CATAACCTA GTATAGGTAC ACGCTGATAA AATTGTTCTA AACTTCATT 1080  
 CAAGATAGGA TAATCATCCG GaTTACCCGG CCCAGGCGAA ATAACAATTG CTTTGGCTT 1140  
 CATATTAATG ACGTCTTCTA TCAGCAGATT ATCAATACCA ACAACTTGAA CTGTTAGTTT 1200  
 35 CGTTTGAGTC TTAATATAGT CTATTAAATT ATATGTAAAT GaATCATTAT TATCTATGAC 1260  
 TAGAATCATT GTATACTCCG TTCTAAATGT GTTTTATTTT TATAATATGT ATTGGATGTA 1320  
 40 GCTAAACTT TAAAAGCATT GTCATTATCC TGACCTTGAT TTAACTAAT ATATGGTATA 1380  
 TTCTATTCAT CGTACATAAA TGAATATCAG AGGTTCTAG CTGAAACCCT CTATAAAAAA 1440  
 CTAGGCCATT GAAATTTCAA ACATTCGTTG GG 1472

45 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 556:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1054 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 50 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

55

	AGAACAGCAA GGATTACTTA CTGAGGAATT AAAGAAGGAT ATTTTAAAAC AGAACAAATT	60
	ACAACGTGTT GAAGACCTAT ATAGGCCTTT TAAACAAAAG AAAAAGACAA GGGCAACTGA	120
5	GGCGAAACGT AAAGGGTTAG AGCCATTAGC GATATGGATG AAGGCACGTA AACATGAAGT	180
	CTCAATTGAA GAAAAAGCAC AACAATTTAT AAATGAAGAA GTGCAATCGG TTGAAGATGC	240
	TATCAAAGGT GCACAAGATA TTATTGCGGA ACAAATTTCA GATAATCCTA AATATAGAAC	300
10	AAAAATTTTA AAAGATATGT ATCATCAAGG TGTGTAACT ACATCTAAAA AGAAAAATGC	360
	TGAAGATGAA AAAGGTATTT TTGAAATGTA CTATGCATAT AGTGAGCCAA TTAAACGCAT	420
15	TGCTAATCAT AGAGTTTTAG CTGTTAATCG TGGTGAAAAA GAGAAAGTAT TATCTGTAAA	480
	GTTTGAATTC GATACGACAT CAGTAGAGGA TTTCATTGCA CGTCAAGAAA TCAATCATAA	540
	TAATGTAAAT CGCAGTTATA TTTTAGAGGC GATTAAAGAT AGCTTGAAAC GCTTAATTGT	600
20	CCCTTCGATA GAGCGTGAAA TCCATGCTGA TTTAACTGAA AAAGCTGAAA ATCATGCAAT	660
	AGATGTTTTT AGTGAAAACT TAAGAAATCT ATTACTGCAA CCTCCAATGA AAGGTAAACA	720
	AATATTAGGC GTAGATCCAG CATTTAGAAC AGGTTGTAAA TTAGCAGTCA TTAACCCATT	780
25	CGGTACTTTT ATAGCAAAAG GTGTGATTTA TCCGCATCCA CCAGTTTCTA AAAAAGAGGC	840
	AGCAGAGAAG GATTTTGTAC AAATGGTTAA AGCGTATGAT GTGCAATTAA TTGCAATTGG	900
	CAATGGTACT GCAAGTCGTG AAACAGAACA ATTTGTTGCA GATTTAATTA AAAAGCATCA	960
30	GTTGCCAGTA CAATTCATCA TTGTCAATGA AGCGGGCGCT TCAGTATACT CAGCATCAGA	1020
	AATTGCTAGA GATGAATTTT CTGATTTTCA AGTG	1054

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 557:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1057 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 557:

45	AAATGTCAGA ATACAAGAAA AAAATAATTG AATTAATTGA AAGTAATTTA ACAGGATATG	60
	AAATTTCTAA AAAAAGTGGG GTTTCTCAAT ACGTACTTTC ACAATTAAGA CAGGGCAAAC	120
50	GCGAAGTAGA TAATCTAACC CTGAATACAA CAGAAAAATT ATATGAATAT GCCAATAAAG	180
	TTTTGTAATT TAACTAATGT ATAAATTAAT CAAGCTATGT TTATTTGATT TAACTATTAA	240
	TAAAAATCAT ATGGTGAATG GATATTATAA TAATTAAAAT ACAAAAATAG TAGATTCCAA	300

AAGGGAAAAT AAGTGTTAAG TTTTAAATGA TAAAAAAGAT TGGAAATGGAT CGTCTTGAAA 420  
 TGCTCCCTTC AAAGTTTTCA TTTTTTCAAT GTCGACTTCG AAGGGGGCAT TTTCATTAAA 480  
 5 TTGTTATAGC TTTTATATT TGTATAATGA ACATATAAGT TTAAGAAGGT GCGAGTGAAG 540  
 GAAATAAAAA AGCTCAAATG TACCAAATTG TTAATCTTAA TAAATCTCTA CTTTATAAAG 600  
 ATTGAATGGA CATTCGAGCG TTAATCAGTC AGGAGGGACT TTCCCTCCTA CAATTTAATA 660  
 10 ATAATACTTG CTTCACTACT ATACAAGGAG TGAGTTGTTA TGTTCAAAGT GAATTATTCG 720  
 ATTTTAAGTT ATTATCCAGA ATATAATATC GCAGTAAGTT GGCAACGTTT AAGAGAAGGA 780  
 AAAACAATAA AAAACAAGAT TTAATACTGC TCGGTCATGA GGCGCTTGAA CATTATTTGA 840  
 TGAATAAGTA TAATTTCAAC TATGATTATG CACATAAAAT TGTATCAAAA AAATACGATT 900  
 ATTCAATTTT TATAAAAaAG AAGGTGGATT AAATGCTTAC ATTAATAAAA TTGGAAAGAA 960  
 20 GATGaACAGG tTATAATATA TGrATATATa CCTGaAGATG aTATAAGTAC CGGGTAAAGG 1020  
 GTCCCGTACC TTTTAAATTA AAAAAGTTCC AGGGGGT 1057

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 558:

25 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 3754 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 30 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 558:

35 CTGTGCTGTA TTTACTTTAA TTTGACGACA TTTGAGAAGT ATTATGATGG nTGTA GTTAT 60  
 TTTATGAAAG TAATGTATTA ACAATCGAAT TACTAAGTCT ATATTGGTAG GAATATCGAT 120  
 GTTTAGTTTA AATGGAATGC ACTATTTAAG TTTTAAATAT GGAGATGTTT GTGACTTTTC 180  
 40 GATGATTAAG ATTTTATAG GTGTGCATCA TTTCAAATAA ACTTTGTGTT TAAAATTGAG 240  
 CTTAGGAAAT CGATAGGTTT AGATGAGGAT ATTGTTGAAG TTATGTGTCT TGTATCCTTA 300  
 GTTGTTATAA AAGCGCAAAA AATAGCACCG CTTTCTCTTT ATCTGTGTAG AAAGGATGCT 360  
 45 ATTATTGTAA AACAATAGTT TTAATTTnAT TTTCTGATaT ATCATATGT r ATTcTACCTG 420  
 TATCAATTTT TATCGAATTA TAACCATCAA AATTATCAAC TTTATCATCA AAGTCTATCA 480  
 CTTTCCAAT TAATATTTTA TTATTAGTAA GCGTTAATTT GACTAATTTG CCTATGTATG 540  
 50 ACTGTAAATT CATATTTAAT CACTCCTTTT TAATATACGG AACTACATGA AAACCAGTTT 600  
 TAGAATAATG AACCTTACCT AATTCGTTT CAATATATTT ACCATTCACA TAAGATTTAC 660

55

	AAACTGGAAT ATCAATAAAT TCTTTTTTAG TCATCTTTTC ACTTTCATTA GAATCTATTA	780
	TAGTATAACT TGGTAATAAA GATGAATTAT TTTTCTTATT ATTATATTCA TTTGTGCATA	840
5	AAATATGACG CTTTGTCTTA ACATTATTCA ATTTTCATCGT CATTTTACCA TTACTTATCA	900
	TTTCAAGCAT TTCTTTTTTA GCTTTTTGTA GAAAGGATGC TATTTTGTA TTTATTTAAT	960
	AATCTAATAC TTTTATCTC AGTTTCATCA AACGAATAAA CAGCAAATC AGTCTGTATA	1020
10	TCTACAACAA GATTTCCTGT TTCGCTCTCG AATTCATTTT CATAGTCAGT TACAAACCCT	1080
	TCGTATTCTT CATTATTCAA AAGCGTGATA ATAACATCTT TACGATATGC ATCTnCAATT	1140
15	CTCAATACTT TTCACCTACT TATCAATATA AGGTACTATA TGaGcACCTG GTCTTCGAAT	1200
	AATGGCACTT cCCTTTCTGG TTTCAATATA CACATTTTCG ATATGTATTT TTCCAATAAT	1260
	TTGATTAAAA TTAATAATCT CTTTCAAATC AAATCGCTCA TCACTTAATA TTAGATTGCC	1320
20	TGTTGACATT TTTTCTCTTA ACAATTCATT CAATAAATCT ATAGAAAGTA TTGTATAGCT	1380
	AGGCAATTC TTATTATTTA AAATGGCTCT TTTTTTATTT TCATTATATA GGTGATGACC	1440
	TAACATATAT CTATTTTATT TTCCGCAATT TATTTCTATT TTTATTTTAC CATTTTTAAT	1500
25	CATTTCTTTC ATCTGGTTTT TAGCTTTTtC CTGtAATTAT GCTTCTTTTA CTCTACTTG	1560
	ATATTTACct TCACGCTCTT TAAAGAACTT GTCCCGCCAA TTGCCAACAT GTGGCACTGT	1620
	GGTACTTCTA CACCAAGGAT GCATAGGTGG CGCATTCA CA CCTGGTATCA TATCTTTAAC	1680
30	TTTAAATATT TTTCCGTTAA GTGAATGACA TAATTTAGAT GTTTTACTAT CTATTTTGGC	1740
	AACATATTTA TATTCGCCAT CTTCACCAAG TTCTTTTAAA TATGTTAACT TTTGTGCTTC	1800
35	TGCATTTTCA GTAAATAGTT AAAAAAGCGT ATAAAAATAG CACCACTTTC TCTTTAkCTG	1860
	TCTAAAAAGG ATGCTATTTA TCTTTTGAAT TTGAATTCTT TTTGCTTTT TCTATACTTT	1920
	CAAATTCCTC AACTAATTCT TTAAAAGATT CACTCAATTC TTTTGCAATT ACATTTCCAT	1980
40	CTAATTGTGA ATCTAACATA ATTAAAATCA TCTCACTTTA TATTTAATCa TATTTATACT	2040
	ATAAAGTTTT TTCAATAATT TTTCAATATG GCTATCATTA ATGATATTAA TATGCGTAAA	2100
	ATATTTAGCA CAAAATTTAC TCACTATTTT ACCATGAAAC CTATTTGACT TGGTAATAAA	2160
45	TTTTACTTGT CCCTTATTAG TAACGATTGT CATTGATTTT ATTGATGGAT GCTTAAAAAA	2220
	TGTAAATAAA TCATATTCTG AAAATCCTGA CTGTCCAGGA TGGTTATGTA ACATAACAAT	2280
50	TGAATTCGGT TTAAGTTTAA ATAATAATTC GGTGCTTGT TACCCTGGCA CAAAAGATAC	2340
	ACTATCTTGA TTGACATATA CTTTTGTAAA TTTACCATCT TTTAACAAAT AAGCTACTTC	2400
	ATTGCTATCA TTGTTTTCCA TGAGATATAC CTCCGTTTAT AGtCTGTCGA CTGATATTCC	2460
55		



GAAGGTAAA ATTTTAAAG TAACTTTCT TTATCCCAT GCTACGAGTT CAGATTCAGG 2580  
 AAATAGCCCT TTACTAGTAT TTATGTATAT TCTGTCTATG GCATGAATAA AATAATTATC 2640  
 5 TCTTGTATTT TTTTCTAAAC TAGATTTTTC AGCATTGATA ACTTCAAGAC TATCTATATC 2700  
 CATTGAATA ATACCAGGCT TAATATTTTC ATCATTATTA GGAAATATT TATATGTAAC 2760  
 ACTTTTATCA TTAATTTCTT TTATTTTAA TATTAGCAAT CATTTCACC TCTAATTAAT 2820  
 10 TAAATACTA TAATTATATT TTATTTCTGT AAGTTTATGT GCCTCTATAT AGTGTAATT 2880  
 ATACTTATTC ATTAGATAGT GTTCAAGAGC TTCATGTTTC TACATTATTA TATCCATTTT 2940  
 TTTAATATTT TTCCCTTCTC TTAAACGTTG CCAACTTTGA GCCATATAAA AGTCAGGATC 3000  
 15 AAATTGTTTA AATCCACTTT CTAATAAATA CTTATTTTCA AATATATGTT CATAAACTCT 3060  
 TTGAATAAA TTTTATTTA TATTAGTATT TTTAGCAATT TTAGAAATCT CTATCTGTTT 3120  
 20 ATCTCGATTT CTAAGTGAAT TATAATAAAT TTGAGCATGT CTGTTCCCTT TGATACCGTA 3180  
 TTCATCACTT TTATTATTAA GTGCACCTGA TTCAATAAAA CAACCTTCTA CTTGATATTT 3240  
 ACCTTCACGC TCTTTAAAGA ACTTGTCTCG CCAATTGCCG ACATGTGGCA CTGTGGTACT 3300  
 25 TCTACACCAA GGATGCATAG GTGGCGCATT CACACCTGGT ATCATATCTT TAACTTTAAA 3360  
 TATTTTTCG TTGAGTGAAT GACATAATTT AGATGTTTTA CTATCTATTT TGGCAACATA 3420  
 TTTATATTCG CCATCTTCCA CCAAGTTCyT TTAAATATGT TAACTTTTGT GACTCtTCyT 3480  
 30 TTTCAACGAA TAATGAAAAA AGCATATAAA AATAGCATCG CTTTCTCTTT ATCTGTGTAG 3540  
 AAAGGATGCT TTAATACCaT GCTATTTTAT AATTTTcGGG AAATTcTTGC TTCTCGATAA 3600  
 AGTCTCTTAC TACAGAAAAA GACTTATTAC GATATAACAT AAAATATTCT TCATTTTCTA 3660  
 35 TTTCAAGATAA TGAGAAATCT ATAACCTCTG CATCTTTTTT ATTAAAAGTT ACTGAACCTT 3720  
 TACCGTTACT TATATCATCT TCAGGTATAT ATTC 3754

40 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 559:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 815 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 45 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 559:

50 ATTTAACTAA AACTATAaAT AATCAAATGA TATTGGAAGA TATTaGCATA GATATCGAAA 60  
 AAGGTAAATT GACTTCTTTA ATTGGACCTA ATGGTGCGGG TAAGAGTACT TTACTTTCAG 120

55

CTGATTATAA AAATAATGAC TTGTCGAAAA AAATATCTAT ATTAAAACAA ACAAACCATA 240  
 CTGAAATGAA TATTACGGTA GAGCAGTTGG TAAACTTTGG ACGATTCCCT TATTCTAAAG 300  
 5 GTCGTTTGAC GAAAGAGGAT CATGATATTG TCAATGATGC GCTAGATTG TTGCAACTAC 360  
 AAGATATCAG AAATCGTAAT ATTAAGTCAT TATCTGGTGG ACAACGTCAG CGTGCATACA 420  
 TTGCAATGAC AATAGCACAA GATACTGAAT ATATTTTGCT AGATGAACCA TTAAATAATT 480  
 10 TAGATATGAA GCATGCTGTT CAAATTATGC AAACGTTAAA AATGTTAGCG CATAAAATGA 540  
 ATAAAGCGAT TGTCATTGTG TTACATGATA TTAACCTTGC GTCCTGTTAT TCAGATCAGA 600  
 TTGTAGCATT GAAAAACGGA CAACTAGTTA AGTCAGATTT GAAAGATAAT GTCATTCAAA 660  
 15 GTAGTGTTTT AAGTGATTTA TATGACATGA ATATTCAAAT TGAACATATA AGAAATCAAA 720  
 GGATTGTTTT ATATTTTAAG GATTGATAAT TTGGAGaCAC TTTAAAGGGG TGATGCGCCA 780  
 20 ATTAAAGAAG GGTAAACGT AAAGCATTTA TTTAT 815

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 560:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 25 (A) LENGTH: 919 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 560:

GAAACGAATA ATAAATTTAC TGAGTTATTA GTTGAAAAAG CTAATAAACA TGATGATGTT 60  
 35 CTCGATAmGT TGATTAAATAT TTTAAAATAA GCGATACACA CTAATAAAAT TGTATTATTA 120  
 TTATGTTdAA TTGACnCCTC CTAAATTTGC AAAGATAGCA ATTTAGGAGG CGTGTTTATT 180  
 TTTATTGACG TCTAACTCTA AAAGATATAA ATTAGACATT TACAAATGAT GTAAATAACG 240  
 40 CAATTTCTAT CATCGCTGAT AACAATTCAT GGTTTAATAT GCAATGAGCA TATACTTTTT 300  
 AAATAGTATT ATTCAGTAGT TTTAACAATC AATTAATTGG TATATGATAC TTTTATTGGT 360  
 TATTTTTATC CCATAGTGTG ATAATTACTA TTTTTCATTC ATAATAAAGG TTTAAAGCAT 420  
 45 GTTAATAGTG TGTAAGATTA ACATGTACTG AAAAACATGT TTAACATAAT GATATAAGGA 480  
 GTGACGTACA TGATCCGTCT AGGTAAAATG TCAGATTTAG ATCAAATCTT AAATCTAGTA 540  
 GAAGAAGCAA AAGAATTAAT GAAAGAACAC GACAACGAGC AATGGGACGA TCAGTACCCA 600  
 50 CTTTTAGAAC ATTTTGAAGA AGATATTGCT AAAGATTATT TGTACGTATT AGAGGAAAAT 660  
 GACAAAATTT ATGGCTTTAT TGTTGTCGAC CAAGACCAAG CAGAATGGTA yGnyGACATT 720

55

TATAAAGGAG CTGCTACAGA ATTATTCAAT TATGTTATTG ATGTAGTTAA AGCACGTGGT 840  
 GCAGAAGTTA TTTTAACGGA CACCTTTGCG TTAAACAAAC CTGCACAAGG TTTATTTGCC 900  
 5 AAATTTGGAT TTCATAAGG 919

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 561:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 518 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 561:

ATCATATAAA CCGGCTGCTT CTAAAAACGA AAATACTGTT ACTGGACCTA AAAATTTAAA 60  
 20 CCCGTATTGT TTAAATCTT TAGATAGTTG TGTTCAGTA TCATCAACTG TGATACGATC 120  
 AGAAGCATGT TCATACTGCA AATCTTTAGG CTTACCATT ACATATGACC ATAAAAATTT 180  
 ACTAAACTA CCATATGCTT GTTCAATTTT TAAATACCCT TGAGCTTGAT TAACAATTGC 240  
 25 TTCTAATTTT TTACGATGAT GAACGATATT TGGAAAAGTC ATTAAGCGGT CGATATCTTG 300  
 AGCGGTCATT TGTGCTACCT TTTCTGGTTC GAAATCATAA AATGCTTCTT CATAGGCTTC 360  
 TTTCTTTTTT AAAATAGTTA ACCAAGATAG CCCAGCATGT TGTGATTCTA ATGCTAAAAG 420  
 30 TTAAACAAT GCCTTGCAAT CATAGAGCGG TTGTCCCAT ACATGGATCm TGATAGTCTA 480  
 AGTAGACTGG GATCTTTAGT ACCAAATGCG CATTCAAT 518

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 562:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1539 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 562:

CTTATTTAAA AGTAAATCAA TCAATGTATT ATAATCCGAA TAGTCCGCAT AAAGCTGGTT 60  
 45 TGCaGGCAAA tCAATTACTA CAACAAGCAA AAACCCAAAT TAATGCAATG rTTaATTCAA 120  
 AAACAAATTA TGATGTTGTA TTTACTAGTG GTGCActGAA TCCAATAATC TTGCTTTAAA 180  
 50 AGGTATTGCC TATCGTAAAT TTGATACAGC GAAGGAAATA ATTACATCCG TGTTAGAGCA 240  
 TCCGTCCGTA TTAGAGGTTG TAAGATATTT GGAAGCACAC GAAGGATTTA AAGTTAAATA 300

CAAAGTCGGT TTAGTAACAT GTATGTATGT AAATAATGTA ACTGGACAAA TACAGCCTAT 420  
 TCCACAAATG GCTAAAGTTA TAAAAAATTA TCCTAAGGCA CATTTTCATG TAGATGCGGT 480  
 5 TCAAGCATTG GGCAAAATTT CAATGGATCT CAATAACATA GATAGTATTA GTTTAAGTGG 540  
 ACACAAGTTT AATGGTTTAA AAGGACAAGG CGTCTTACTT GTAAATCACA TTCAAAATGT 600  
 TGAACCAACT GTCCATGGTG GTGGTCAAGA ATATGGTGTT AGAAGTGGAA CAGTTAATTT 660  
 10 GCCAAATGAT ATTGCAATGG TTAAAGCGAT GAAGATAGCT AATGAAAAT TTGAAGCATT 720  
 GAATGCATTT GTTACTGAGT TAAATAATGA CGTCCGTCAA TTTTAAATA AATATCATGG 780  
 AGTTTATATT AATTCTTCAA CTTCAGGTTC ACCATTCGTT TTAAATATTA GTTTTCCTGG 840  
 15 CGTAAAAGGT GAAGTATTAG TTAATGCTTT TTCAAAATAT GACATTATGA TATCTACGAC 900  
 AAGTGCTTGT TCATCTAAAC GTAATAAATT AAATGAAGTA TTGGCTGCAA TGGGATTATC 960  
 20 AGACAAATCT ATTGAAGGTA GTATAAGATT ATCATTGTTGG GCTACTACAA CTAAAGAAGA 1020  
 TATAGCGAGG TTAAAGAAA TATTTATCAT CATTTATGAG GAAATTAAGG AGTTGCTAAA 1080  
 ATAATGAAGT ATGATCACTT GCTTGTTAGA TACGGGGAGT TAACATTAAA GGGTTCAAAT 1140  
 25 AGAAAGAAAT TTGTAAATCA ATTAAGAAAT AATGTAAATA AGTCaTTAAA AGGACTTGAT 1200  
 GGGTTTGTCG TTAAAGGCaA ACGAGATCGT ATGTATATTG AACTTGAAGA CCATGCaGAT 1260  
 ATAAATGAAA TAACATATCG ATTATCAAAA ATTTTCGGTA TTAAATCTAT TAGTCCAGTA 1320  
 30 TTAAAAGTAG AAAAAACAAT AGAGGCAATA AGTGCAGCGG CAATTAAATT gCGCAGaATT 1380  
 TGAAGaAAAC AGCACATTTA AAATTGATGT GAAGCGTGCC CGATTAAAAT TTCCCCAATG 1440  
 35 GATACGGTAT GGAATTACAG CGTGAATTG GGGTGGTGCC AGTATTGGAG CACTTCGCCA 1500  
 TATTTCCAGT GGATGTCCAA CGTCCCAGnC CCAGGAATT 1539

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 563:

- 40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 968 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

45

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 563:

50 ATAnCGTATA CATGTGTTCT TTAAATTGT GATAAGGAGT TTAGGATGGT TTATTTAAAA 60  
 TCAATAGATG CCATTGGATT TAAGTCTTTT GCAGATCAAA CCAATGTTCA ATTCGATAAA 120  
 GGTGTAACTG CAATTGTTGG TCCAAATGGA AGCGGTAAAA GTAATATTAC AGATGCTATT 180

55

ATCTTCTCAG GTGCAGAACA TCGCAAAGCT CAAAATTATG CTGAAGTACA GTTAAGATTA 300  
 GATAATCATT CTAAAAGCT CAGTGTTGAT GAAAACGAAG TTATTGTAAC AAGAAGATTG 360  
 5 TATCGAAGTG GTGAAAGTGA GTACTACATA AATAATGACC GTGCAAGATT AAAAGATATT 420  
 GCCGATTTAT TTTTAGATTTC TGGATTGGGA AAAGAAGCGT ATAGCATTaT CTCGCAAGGT 480  
 AGAGTTGATG AAATACTAAA TGCTAAACCA ATTGATAGAC GTCAAATTAT TGAAGAATCG 540  
 10 GCTGGTGTAC TTAAATATAA AAAACGTAAG GCTGAATCAT TAAATAAACT TGACCAAACA 600  
 GAAGATAATT TAACGAGAGT AGAAGACATT TTATATGATT TGGAAGGTCTG CGTAGAACCT 660  
 CTAAAAGAGG AGGCAGCTAT AGCTAAAGAA TATAAGACAC TTTCACATCA AATGAAACAT 720  
 15 AGTGACATTG TAGTTACAGT sCACGATATT GATCAATATA CAAATGACAA TAGACAATTA 780  
 GATCAACGTT TAAATGATTT ACAAGGCCAA CAAGCAAATA AAGAAGCTGA CAAGCAACGT 840  
 20 TTAAGCCAAC AAATTCAACA ATATAAAGGT AAACGTCATC AACTTGATAA TGATGTTGAA 900  
 TCgCTTAATT ATCAATTAGT AAAAGCTACG GAAGCCTTTG AAAAATATAC GGGACAATTA 960  
 AATGTTTT 968

25 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 564:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 436 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 30 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

35 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 564:

TTGTGTGTAT GCATTCAATG TGCTCTGTTT GTAAATGGCT AGCTATATAA TTTAgGATTC 60  
 GAGGATCGTC ATCGACAACA AGACATTGCA CCATAGCTAT AAACCTCCCTT ATCTTTTTTCA 120  
 40 TTTATTATAC ATGTAAAATA TTTTTCGTA AAAAAACAAT TGTTTCATATT GAGTTCATAT 180  
 TTCAACCTTA TACTGACGCT AAAGAAGAAA TAGGGAGAAG TGAATCGATA TGAAATTAGC 240  
 GATAAAAGAG ATTATGTTTT ACAAATTTTCG TTATATTTTA ATCACATTAA TCATTCTTTT 300  
 45 ATTAAGTATT ATGGTGTTAT TTATTAGTGG TTTAGCTCAn GGGCTTGGTA GGGaGAATAT 360  
 TTCGTWATTT GAACACTTTG GATAATGATG aaTATGtTGT TCaAAAAATG AAAGAGCCGC 420  
 aaATTGaGAA ATCGCA 436

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 565:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 2554 base pairs

55

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 565:

	ATGTTTTGTC AATATCAATT GTTTGAGATA AATCCGCTTG TATAAACGA ACTTTATCAT	60
10	CATTAAATTT GCTAGTTAAT TCATTTATAT CAGTACGATA ATATTGCACA TAAACTTCAA	120
	ATCCATCAGT TAATAATTGT TTGACTATCT CAGAACCAAT TGAACCAGAA CCACCTAATA	180
	CTAATGCTTT CATTACTTTT TAATCTCCAA ACGACTATCG ACTTGCTGAT CTAAATTTAA	240
15	ATATAACGAT GACGTTTCGT TAATACTATC TAACGTGATA TTTTCAACAA TGTCTAACAT	300
	GTCAAACACG CTAACACCTT CAAAATACAA TTTAGTATAT TGATTAGCAA TATATTCAGG	360
	TGAGTTTAAA CTTGATATGA ATTCACCTAT AAATTGCTTT TTCAAAAGTT CAAATGCTTC	420
20	TGCATCTTGG AAAtTGCCTT TTTTATCAG CAACTCATCT AATAATAATT TTTTAAATTT	480
	ATCTGGTTCT TCAGTAGCAC TTGTCACGAT TGAAAACTA TACGTCGGCT CTAGTACAAA	540
	TTGATAACCA AATGTATCAT CGATAAGTCC TTCGTTTAAAT AAATTCTGAT AAAAATCTGT	600
25	TTCTTCCCCA AAAATTAAct CAAAGAATAA TGACATTTCT AAATCACGTT GTACATATTT	660
	TTGAGGCGCT TCTTGTAATG GTTTATTTTT AAAACCAAGC ATTAGTCTTG GTGATTGAAT	720
30	TTTCATAGAT TCAGTAACAA ATGCTTCTTT AACATCCTCC GGTTTCATCAA CAAGTCCTCG	780
	TTCGATTTTG GGTGGTTAA CTTTATTACG AGCATCCTCG TGTTGTTTTA CTATTCgACA	840
	TATTGCTTCA GGATCCACAT CGCCAACAAC AAATAAAACC ATATTTGATG GATGATAAAA	900
35	CGTTTCATAA CATAGATACA AATCATCTTT TGTAATATCG TATATACTTT CTACACTACC	960
	GGCAATATCA ACACGTATTG GATGTTGTTG ATACATTGCA CGCAAtGTAT TaAACATTAA	1020
	TTTATATCCA GGTGCTCTT GaTACATTTT TATTTCTTCT GCAATAATAC CTTTTTCTTT	1080
40	ATCAACAGTT TCTTTTGTA AATAAGGCGT TTCaACCATT GTAAGTAAAC GTTTAATGTT	1140
	GTTTTCAATA TtATCAGTTG CACTGAACAA GTAGCTTGTA CGATCAAAGC TTGtAAACGC	1200
45	ATTTGCTTGT GCGTTATCTT CAGCAAACGC AGTAAATAAG cTTCTTCTTC TTTTCAAAT	1260
	AATTTATGTT CcTAAAAAGT GAGCAACTCC ATCAGGTACA GTAACAAATT GGTCTTGTC	1320
	AAGGGGTTTG AATTGATTAT CTAATGAACC AAATTGTGTA GTGTAAGTGA CAAATGTCTT	1380
50	TTGAAAACCT GGTtkGGGGA TAATAAATAA TCGTAAACCA TTTTCTAATt CTTGTTTCGAA	1440
	tACTCTTTCG TCTATTAATT CATAATAACG CTCTTTCATT ATTTATCCCC TCCTTTTGTC	1500
	AACACATAGA TtGTATCTAA AAATGCTTTT TCAGCAACAG AAACAATATC TTCGCGACTT	1560

55



TTATGCATAA TCTCTATAAT ACTTTTCGGA CGATCTTCAG ATTCATATCG ATGAGAAATG 1680  
 ATTACTTTTT TAGCTAACTC TAATTTTTCT TCAGTGAAAT CTCCTGCTTT TATTTTTTCA 1740  
 5 AATTCACCTTA TAATAGTGTC TTTTGCAGTT TCGTACTTAT CACTTGAAAC CCCACTCAAA 1800  
 ACAATAAAT AGCCATTTTT GCCATCAATT TGTGAATGTA TAGAGTACGC TAAACTTTGC 1860  
 TTTTCTCGCA CTTCAATTAA TAAACAGAT GAAGGATCTC CTCCAAACAT CATGTTAAAT 1920  
 10 ACAACAAAGG CAGCATATCC ACTTTGTCCA TATTGTGTTG GAAAACGGTA TCCCATATTT 1980  
 AATTTAGCTT GATCCACGTC ATCATATTCA ACAATATAAT CAACTTCTTC ATCGTGTAAT 2040  
 15 TGATGAGTAG AATGTTGGAA TTGATGTTTA TCGAATGGTT TAAGTGCAA TTTTTCACGT 2100  
 ATTTGTTTCT CAACACTTTC AGGTTCTACA TTGCCGACAA CATAACAGA ACATTGATCA 2160  
 TTATTAATCA TTGATTGATA TGTATGATAT AGTGTTTCAG CAGTAATATG TGGGATTTGT 2220  
 20 TCTAGTTGTC CTGTAGATAA GTATTTATAT GCTTCATTTT CAAACATATG GTCGAGTAAT 2280  
 TTAAAAACG AATATTGTGC TTTATTATCT ACCATTGCTT CTATTTTTTT GGCTAATAAT 2340  
 GTTTTCTCTT GGTTAACAAA ATTATCATTG AATGCTTTAT TTTCAATTAA TGGATTCCAA 2400  
 25 ATGATTCTTT GtAATAAATC TAATCCTTGa TTAAATAATG AwTCACCGkT TCyTAAATAA 2460  
 CGkkCaTTAA caATTyCTAA tGaAAATGtA ATgACaTGCT GaTCCTTGAA TTTTGAAATT 2520  
 30 GTACTATTCA CATACGCACC ATATAAATCG GCTA 2554

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 566:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 35 (A) LENGTH: 1424 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 566:

40 TnTCGCTATT TtnAATTGGT TTTGTATGGT TTAAGTTATA TCAATATACA ACAnACCCTA 60  
 45 AAGCTGATAT CCCAGGTATC ATTTTtagTA CGATTGGTTT TGGTGCTTTG TTATATGGTT 120  
 TCTCAGAAGC TGGCAACAAA GGTGGGGTT CAGTAGAGAT AGAAACAATG TTTGCGATTG 180  
 GTATTATCTT TATTATTCTA TTCGTTATTA GAGAATTAAG AATGAAATCA CCAATGTTGA 240  
 50 ATTTAGAAGT ATTGAAATTC CCaACATTTA CATTAACAAC AATTATTAAT ATGGTTGTAA 300  
 TGTTAAGTTT ATATGGTGGT ATGATTTTAT TACCGATTTA TTTACAAAAT TTACGCGGAT 360  
 TcTCAGCATT AGATTCCGGA TTGTTATTAT TACCTGGTTC TCTAATTATG GGTCTACTAG 420  
 55

TTGCTGTAAT GACTTATGCA ACATGGGAAT TAACTAAATT AAATATGGAT ACACCATATA 540  
 TGACAATCAT GGGTATCTAT GTA CTTCGTT CATT TGGTAT GGCATT TATA ATGATGCCAA 600  
 5 TGGTAACTGC AGCTATTAAT GCGTTACCGG GACGACTTGC CTCTCATGGT AATGCTTTCT 660  
 TAAATACGAT GCGTCAATTA GCAGGCTCTA TAGGTACAGC AATCTTAGTT ACTGTAATGA 720  
 CAACACAAAC TACACAACAC TTATCAGCTT TTGGGGAAGA GTTAGATAAA ACGAATCCTG 780  
 10 TTGTACAAGA TCATATGCGT GAATTAGCAT CACAATATGG CGGACAAGAA GGCGCAATGA 840  
 AAGTGTTACT ACAATTTGTA AATAAACTAG CAACGGTTGA AGGTATTAAT GATGCATTTA 900  
 15 TAGTTGCAAC GATATTTAGC ATCATCGCCT TAATTTTATG TTTATTTTTA CAAAGTAATA 960  
 AAAAAGCAAA AGCTACAGCT CAAAAGTTAG ATGCAGATAA TAGTATCAAT CATGAATAAA 1020  
 TAAAATAAAT TAATTGAAGT GTGACTAATC AAAAATTATG TTGTGGGGAC ATGATTTTTA 1080  
 20 AAGTATCGGT GCCAAATATG GTTATCGATA CTTTTTTTAT TTGTTGATTT ATAGAATGTT 1140  
 AGAGGAATTA TATTAAAATT TGGCATTGAC GTAGTAGGTC ATTAATAAAG AAAAAGCAGG 1200  
 AAGTGGGTCA ACGAAATGAA TTTTGTGAAA ATAACATTTC TGTCCCAATC CCTACTATAT 1260  
 25 AACATTATTT TAAACGAGGC ATGCGATTAC GGAAGAATAA GCTTATAACA AGTAAACCGA 1320  
 TGCTACAGCC AAGTAAAATG ATGCCGTTAT GAATAGCGTC ACTTgCTGTA ATCACTTGAT 1380  
 30 CTGGTGGTAC ATTTAAATAA TATTTTTTGA AAACATCTGC AATT 1424

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 567:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 35 (A) LENGTH: 676 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 567:

40 TCTCCCATGT TCTGCTAAAT GACGCATCAC TTTTACTTCA TGAGGCGTCA ATACACGTCC 60  
 45 TTCACCAGCA TTCAAACCGA CAACATT TAA AGGCCCATAT TCAATACGAG ACAGTTTCGT 120  
 CACTTGATGA CCAAAATGTT CGAACATTCT TCTGACTTGG CGATTACGAC CTTCTGTAAT 180  
 TGTAATTTCA ACCAATGTTG TGTTTTTATC TTTATCTTGT TTCTTAACTT TCACTTCAGC 240  
 50 CGGTTGCGTC ATACCATCTT CTAATTCAAT ACCTTTTTCT AGCGCTTTCA CTTCTTCTCT 300  
 CATTAAATAA CCTTTTAATT TCGCAACATA TTTTTTCTTA ATTTGATATC TTGGATGTGT 360  
 CATTAAATTA GTAAATTCAC CATCATTTGT GAGTAATAAC AATCCAGAAG TATCATAGTC 420  
 55

ACGTCCTCTA TCATCAGATA CACTTGtKAT CACTTGAGTT GGkTTATGGA AkAAAATGka 540  
 AAtTTTGTCT TCTAGTTCTA TTTAATACC TTCAACTTCA ATCGTATCTG ATGGCTTCAC 600  
 5 TTTTGTTCTT AATTCAGTGA CAGTCGTACC ATTCACTTTC ACTTTTCCTT CAGAAATTAA 660  
 AGTTTCTGCC TTACGT 676

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 568:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 454 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 568:

20 GAAACGGTTC TACCAAAAAA CAGTAAGGGC TAAACCCAAT CATGGTAAGA CAAAAGTAC 60  
 AAATAGCCAT GCCCAAGTTG AACTCGCTGT ACGCCTATTT CTTTCTAAAA AGATAATAAT 120  
 AAAAGCCAAT ACTAAATTAA TGATGAATCC AATGGCTAAA ATAATAGTAA ATAACGTTCC 180  
 25 TAAATCGTTT GAAAATGTAA ATCGCATAGT CTTTTCTCCT ATAAAGAAAG GCACAAAAAA 240  
 ACATTTTGCA CCTTTCACGT CATATTATTT ATTCACAGAT AAAGTTAAAA TTGCATTGAA 300  
 TTCTTCTTCA TTATTGGGA ATGTTCTTTC TTCTATTTCT TTAATAGTAA TATTTACTAA 360  
 30 TTTTAAATTT GTAGCTTCTT CAGAACTTAA AAAAGCATTAA ATGTTTTTTT CTAATAACTC 420  
 KAAAGTCTCA GCTGtAAAaG TTTTAAGTTT AATT 454

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 569:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 894 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 569:

45 ACGATATTAC CACCCTCTGA AATAACATCA ATCATGTGAT CTGTAAAGTC CCAAGGATGA 60  
 CTTGTTGTGA AACGAACTCT TGGAATCGCT ATTTTAGAAA TTGCTTGTA AAGATCTCCT 120  
 50 AAGTCATATT CTATATCCTG TAAATCTTTA CCATAAGAAT TTACATTTTG ACCTAAAAGC 180  
 GTTATTTCTT TGTAACCTTC ACGAGCAAGT TCACGTACTT CATCTATAAT GTCTTCAGGT 240  
 CTACGGCTTC GTTCTTTACC TCTTGTAAT GGAACAATAC AATATGTACA AAACCTTATCA 300

TCAATAACGT CTCCTTCTTT AGACCATACT TCAACAACCA TTGCTTTAGA TAAGTATGCT 420  
 TCTTCTAAAA TTTCTGGTAA ATGATGAATA TTATGTGTAC CAAATATCAT ATCTACATTT 480  
 5 TGATACGATT TTAAAATTTT ATTCACACT GACTCTTCTT GTGACATACA ACCACAAACA 540  
 CCGATTAAAA TATCAGGTCG TTCTTTTTTC AAATCTTCA AATTACCTAT TTCACTAAAC 600  
 ACTTTGTTCT CGGCATTTTC TCTAATCGCA CATGTATTAA TTAAAATAAC ATCTGCAGTG 660  
 10 TTAATATCAG TCGTkGCTTG aTAGCCTAAT GcYTCmAGTA TACCAGCAAT GACCTCAGTG 720  
 TCATGTGCAT TCATTTGACA TCCATATGTT TTAATTAAAA ATGTACGCTC GTTCCCCATA 780  
 15 CCGCGATATT TTyCATCAAT TtGGgAAATC nCTATTATAA CGAACTTCTk GTtTACCnCC 840  
 TTTTTTnCGC TCCTTTAAAA TTAAGGCGGC TGATAAACAG GTCCAAAATA TTAC 894

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 570:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 441 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 570:

TATCAATCCC ACAGCACATG CTGAACAAGA TCAAACATGG GAGAAGATTA AAGAACGCGG 60  
 TGAACCTAGA GTGGGTCTTT CTGCAGATTA TGCACCAATG GAATTTGAGC ATACAGTTAA 120  
 TGGTAAGACT GAGTATGCAG GTGTAGATAT TGATTTAGCT AAAAAAATTG CGAAAGATAA 180  
 35 TAATTTAAAA TTAAAATCG TCAATATGTC ATTTGATAGT TTGTTAGGAG CTCTTAAAC 240  
 TGGAAAAATT GATATTATTA TTTCCGGAAT GACTTCAACG CCTGAACGTA AGAAGCAAGT 300  
 TGATTTTTCa GATTCATATA TGATGACTAA AAATATCATG CTTGTAAAGA AAGATAAAGT 360  
 40 TAATGAATAT AAAGATATCm AAGACTTTAA TAATAAAanA GTnGGGGCAC AAAGGGACTG 420  
 AACCAGAAAA AATCGCTCAA C 441

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 571:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1205 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 571:

AAGTCGTTCA TCTTTTCTA CAAGGGTGTA AAAATAATCA ATCATATCGT ATAACGCTTC 120  
 TTTACCAATG ATGTCATATG GTGTTGTTGT CATTTAATCA CCCATTTTCA AAAATTTACT 180  
 5 GTTACGAACT TAAGTTAATA TATAACTAAT ATAACATGAT TTAAACATT TGAAAGAAAT 240  
 ATGCATATTT GCCAATTTAA TTTATATTGT TTGAAAGTGT TTCTTTTTC TTGAAAAAC 300  
 GTTGAAC TTT ATTTAAAGGT tGATGATGTT CGAGGTTTAG TTCGTTtAAT AAAGATtGGA 360  
 10 ACTTTTGTAA ACCTTGATTA TAGTCTTTAA CTTCGAACTC TAACTCATAA TCCGTAGTAT 420  
 CGAAATACTC ACTTTTATCT AAAACCAGTA AATCACCTTT ATATTTAGTT TCTTGCGCAT 480  
 ATGTCGTTAA TGCACCAAGT ATTGATAAAG TTGTATCTTT TACACCAAAC TGTTCAACTA 540  
 TAATTTGACG AATGTCATCT GGAAGATTGT CGTTTGAAAT AATCAAGTTC ATCTCTGGTT 600  
 TAATGTCGAC GATATAGTTG TATTCTAATA GACCAACCTT TGCTGGTGTC TTTAAAGTCA 660  
 20 TTTCATATTG ATTGTCTTTA ACTCTTATGC GTAGTGCAGA GCGATGTTCC TTTAATTGA 720  
 AATCGGGTGT ATCAATATAG TAATTGACTT GCTTAmAAAG CACACTGTCT TTAAATATT 780  
 TCTCTTGCAA TTTATTATAG ATTGAtGCAG TTATCATTTG TtTAAATTCT AttTCATGAT 840  
 25 TTGTTGCCAT GATATGTATA CACCTCGTAT CAAATTCAAT TTATCTTAAC TATATTATGA 900  
 ATGACAAAGT TGAATTTTAA AAGTAATTC CTTTATCTAT TATCAATGTT AATTTGACCA 960  
 TTA AAAATAG TGTTGTAAG TGTTTTGTAT TATTGaATTG TGTTAAATG TTATGGAATA 1020  
 AGAGGAGGAT TAAGCATGsG TTTWTATATT AATGAAATTA AAATTAAAGA TGACATACTT 1080  
 TATTGTTATA CAGAAGATTC TATTAAAGGA TTATCTGAAG TAGGACAAAT GCTCGTTGAT 1140  
 35 AGTGATAATT ATGCCTTTGC GTATACATTA GATGATGGTA AAGCGTATGC TTATCTCATT 1200  
 TTCGT 1205

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 572:

- 40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 570 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 45 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 572:

50 TGAAGAAATA GCAATGATGA AATGCCGTAT GTTATATGAG ACGGGGTCAT TTCTTGAATT 60  
 AAGAGAAGAA ACAATTGTCT TATTGAAAAC TGGCATACAA CAATATGATG CATTGATGAT 120  
 TTATTACGTG AAAAGTTTGA TTGGTTTGGG ACAATATTTT GAAGCGGTAG AAGTAATTCA 180  
 55

ATTTGCTAAG TCAAAATTAA TTGAAGATGA AAAACGATTG ACTCAGTCAT TAGCTGATTT 300  
 TGrTACGTTA TCAATGAGGG AACAGACGCA CTTGATTTTG AAGTTAATAG ACAATGGTCA 360  
 5 TTTTCAATTT CAAGAAACGG TATTATATAT ATkAAaAyCT AATaCGTACa GTtATAACCT 420  
 CATTAGTTTA ATGATTGAGT ATTTAAGGTT CGCAAATTGT ACACAAGAAC TGACAATTGA 480  
 AAAGTATGGT ATGGATGTAA CTTTTGTACC AGCTAATTTA AAAGGGCTAG AACATACAAC 540  
 10 ACTTAAAGAA AAAGTTATAC CTAACGTTAT 570

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 573:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 939 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 573:

GTTGAATGGT TAGCAGCTGC AGTTGTATTA TATTTCTGTG GTGTAATTGT TGACGCTCAT 60  
 25 GTATCATTCA TGTCCTTTAT TGCAATATTT ATCATTGCTG CATTATCAGG TTTAGTCAGC 120  
 TTTATTCCTG GTGGTTTCGG CGCTTTCGAT TTAGTTGTAT TACTAGGATT TAAAACTTTA 180  
 30 GGTGTCCCTG AGGAAAAAGT ATTATTAATG CTAATTCTAT ATCGTTTTCG GTACTATTTT 240  
 GTACCGGTAA TTATTGCATT AATTTTATCA TCATTGAAT TTGGTACATC AGCTAAGAAG 300  
 TACATTGAGG GATCTAAATA CTTTATTCCT GCTAAAGATG TTACGTCATT TTTAATGTCT 360  
 35 TATCAAAAGG ATATTATTGC TAAAAATTCCA TCATTATCAT TAGCAATTTT AGTATTCTTT 420  
 ACAAGTATGA TCTTTTTTGT AAATAACTTA ACGATTGTkT ACGATGCTTT tATATGATGG 480  
 AAATCACTTA ACGTATTATA TTCTATtGGC AATTCATACT AGTGCTTGTT TATTACTTTT 540  
 40 ACTGAATGTA GTTGGTATTT ATAAGCAAAG TAGACGTGCC ATTATCTTTG CTATGATTTC 600  
 AATTTTATTA ATCACAGTGG CGACATTCTT CACTTACGCT TCATATATTT TAATAACATG 660  
 GTTAGCTATT ATTTTGTTC TGCTTATTGT AGCTTCCGT AGAGCGAATA GGTGAAACG 720  
 45 CCCAGTAAGA ATGAGAAATA TAGTTGCAAT GCTTTTATTC AGTTTATTTA TTTTATATGT 780  
 TAACCATATA TTTaTTGCTG GAACGTTATA TGCATTAGAT ATTTATACGA TTGAAATGCA 840  
 50 TACATCTGTA TTGCGCTATT ACTTCTGGCT TACGATTTTA ATCATCGCTA TCATCATAGG 900  
 TATGATTGCA TGGTTGTTTG ATTATCAATT TAGCAAAGT 939

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 574:



(A) LENGTH: 1059 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 574:

10	GAATTAATTA AATATTACAC ACAGCCTCAT TTTTCATTTT CAAATAAATG GCTATATCAA	60
	TATGATAATG GAAACATTTA TGTGAACTT AnGAGATATT CATGGTCAGC ACATATATCT	120
	TTATGGGGCG CTGAAaGTYG GGGAAATATT AATCAGTTAA AAGATCGTTA CGTAGATGTG	180
15	TTTGGAATAA AAGACAAAGA TACTGATCAG TTATGGTGGT CTTATAGAGA GACATTTACA	240
	GGTGGCGTTA CACCAGCCGC AAAACCTTCT GATAAACTT ATAATCTTTT TGTGCAATAC	300
	AAAGATAAAC TACAAACGAT TATTGGTGCG CATAAAATAT ACCAAGGCAA TAAACCAGTA	360
20	TTAACATTGA AAGAAATCGA TTTCCGTGCA CGAGAAGCGT TAATAAAAAA TAAATATTA	420
	TATAACGAAA ATCGTAATAA AGGTAAGCTT AAGATCACCG GTGGCGGTAA TAACTACACT	480
25	ATTGATTTAA GCAAAAGATT ACATTCAGAT CTAGCAAATG TTTATGTTAA AAATCCTAAT	540
	AAAATAACTG TTGACGTCCT CTTTGATTAG TATATGAAGG TGACTTATAC TTCATGCACT	600
	TTAATTCCAA ATCAGATTAT TTAAATGATA ATTTTTAAAG TGTATGATGT ATATAATAGG	660
30	TAAAATTTTC TATATATTTA AATGGAATTG GGAGTAGGAA TGTGACAGAA ATAGTATTTT	720
	ATAAAATTTA TTCtTGTCAC TCCCCAACTT GCACATTATT GTAAGCTGAC TTTCCGCCAG	780
	CTTCTATGTT GGGGCCCCGC CAACTTGCAT TGTCTGTAGA aTTTCTTTT GAAATTCTCT	840
35	ATGTTGGGGC CCCGCCTATA ATTGAAAAAT GCTTGTTACA TGGGCATTTT CATTCCGTCA	900
	ACTACTACCA ATATAATATT GtAGaGCCTA AGACATTGAT TTATTATGTC TTAGGCTCTA	960
40	TTCCTTCATT TAATGATTAA nTTATTATAG CAATACTTTA TTGTCCCATG ATTAGTGTTT	1020
	TTTTAATGAG ACATAGTAAC TATAAAGTTT AATAATCGT	1059

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 575:

45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 574 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 575:

55	GTTTGCTTTA GGTCTGTTT CATATTTATA CTTCGAAGGA TTTACCTTTT TGaAGTCTGG	60
----	--	----

TTCAACTkGC TTTTATTCT TTTCGAAATC AGCTGGTTGA GTAGTTATGA GTTCATTATT 180  
 TTTATTAGmA TAAATCTTAC CATTAAACATA TTTATAATCT TTTGTTATAA AGTCACCATT 240  
 5 TCTGAATGGA ACTACTTGAT TATGACCTTT AGAGAATAAA TCAGTACCGA ACATTAAATA 300  
 GTTCTTCGTA TCTATACCAG CCAAATGTAA AATTGTTGGC ATTACATCGA CTTGACCAGC 360  
 ATATTCATTA TTGATACCAC CAGATTTACC AGGGATTTTA ATCCAGAAAC CAGTTCTGTT 420  
 10 TAAATCTGTA AATTAGCCG GTGTGATTTT TTCACCTAAT AGTTTTTCCA TGGCATTGTT 480  
 ATGGTTTTCA GAGATACCAT AGTGGTCACC ATAAATCATA ATCACTGAAT TGTCATATAA 540  
 15 TCCTTTTTTC TTCAAGTCAT TAATATATTC TTCT 574

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 576:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 796 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 576:

CAATGTTTTA TAGTACAATA TATTTTnAAT AATACTCGTT AAGGAGAATG ATATGATATC 60  
 AATTCACGCA ATTCGACAG GAAAAATCCA AGATTTCCT TATAGCTCGA AAAGACCGAT 120  
 30 GCGCTCTGCT TTAGATAAAA CTAAGATTTT ACAAACAACA TGGTTATCTT CAACTGGTTT 180  
 CACTGGTGAT GAACAGGCTT ATAAAGATCA TGGTGGACCA CATAAAGCAG TTTGTGGGTT 240  
 TAGTAAGCAT AATTATGCAC TGTATCAAGA TGATTTACCT AACTACCTA CTCATGCGAT 300  
 GTTTGGAGAG AATTTAACAT TTGATTATTT AGACGAATCT GATGTTTACT TTGGTAATCA 360  
 ATATCGTTTA GGTGAAGCGT TAATTGAGGT TTCTGAAATT AGAGAACCAT ACTGGAAAAT 420  
 40 TCAAGCAAAA TATAATATTC CTGATTTAGT GAAGCGCATG TCTACATCTG GTAAAACAGG 480  
 TTTCTATTTT CGGGTATTAA AACAAAGGCTA TGTATCTCCA AATGATCAGC TTTACTTAAT 540  
 ACAAGAAGCA CCAATCGAAC ATCGTTTATC TGTACAACAG CTTAATGACC TTTATTATAA 600  
 45 TGATAGACAA AATCAAGaTA TGTTACGATA TGCCTAAAC AATCCATTTC TGTCACCAAC 660  
 AAGACGCGAT AACTTCAAA AAATGTATAA CAGAACATTG GAAATAATTA CCTTTCATTn 720  
 50 ATAAGTGTTA AATGAACTTT TCAAAACaNA AAGGAATCAA CTTACACAT CGTTTGTATG 780  
 AATAGTCTTA TCTATA 796

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 577:

(A) LENGTH: 1095 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 577:

10	AGAAATTATG ACAAATATA AAGATGGAAA GTTAGTTTAT GCATCAGTCG AACCAGGATC	60
	TTACGTAATA CATAAGATG ATGCAATTAA ATATGACGAT TATTCTAAGT TAAAAAATT	120
	AAGTCAGCTA ACTAACTTG ATCATCCAAA ACCAGTTCCA TATAGCGTAC TCAAATCAAA	180
15	TCTTTCGGAG TACCTTTAAC AAGCGTTTCA TTTATGACAC ATGGATCAAA GGATACTAAA	240
	GATGAAGTGT TGCCGGCATT GGCCTATTTT ACTTTTTCAC CAAAAAATTA TGAAGACAAG	300
	TCTAATCCAG ATCCAAAAGT TTTAAATTTA GTACATATGG ATTTCTTAAA TGCATCTAGT	360
20	GATTTTGGTA ACGCACATTT TGTTGTTTAA AGTAAATATA TTAAAGAGTA TGAATCAAAC	420
	TATGAAACAG CGTCAGATGA TTCTTTAAAA TAGTATTTAC TGTGTGAAAA ATAAATAGTG	480
	TACTACATTA AATAATCGCA ATAATAATCC CGATAAACAA TCAGCATTAC TGCTTATCAC	540
25	ATAGAGTTTCG TAATAACTAT AACTCTATGA TTCGCAAATA ATAAATGATT GTCATCGGGA	600
	TTTATTTTTTA TCAATTTATA AAGTGACATT ACCTTGTTCA TCAGCAGGTT TGAAAACAGT	660
30	AATCACTGCA CTAATAATTG CTAAAATGTG TGGGATACCT GTCCAACAGA ATATTAAGTG	720
	TAGAATACCT TGCATATTCT TGCCGGCATA AAATTTATGA ATACCAAAC TACCTAAGAA	780
	CAATGCTAAT AAAATATAAA TAACTTTGTT TACTTGCAAT TCTTTCCCTC CAGTTGAATT	840
35	GCTTATAATG ACATTAGCTT CTCTTTTAT TATACCCACT TTTAGTTCAA ACATTCTAGT	900
	TTAAGCATTC CCAATCATCT AAATTTTCAGT TATTCAATCC TTACAATAAA TTTAGGATTA	960
	CATTTTCAGTT GCATTGTATT ATTTTACGTG TGAAATATAC GTAATGAATC ACATGACAAy	1020
40	CTyCAAATTG AAAAATATAC ATTCTATGAT GTAAGGTCGC ATTTTTAATA TATTTACGTn	1080
	AAAATAGTTT GGATG	1095

45

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 578:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 489 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 578:

55

ACTGCCAAAA TAATCATAGC CATGTTCTAC AGCTGCTTTC GCTACAATAT CCAAACGCAT 120  
 TTCAAAACAA GCGGTACAAC GTAAGCCGCC TTCTTTTTCa TCAGCTAATT CTTTATCCTT 180  
 5 CACCATTTTC ACAAACCTTAT GTGGTTCATA AGGTGCTTCA ATATACTTCA CATTGCGCACC 240  
 AGTCTTGCGA TTAAATCTT CCACAAATTG TTCTTGCACT TTAGCACGTC GTAAGTACTC 300  
 ATTTTTCGGA TGAATATTTG AATTCGCGAA ATAAATTGCA ATGTCTGCAT ATTGTGTTAA 360  
 10 AAACCTCTAAT GTATATGTAC TACAAGGTGC ACAACAATA TGCAATAAGa TTTTAGGTCT 420  
 GATTGCTTCT CTTTCCCACT GsCCGATTAA TnTCTTCAAC ACCTTGCTCA TAATTAATTT 480  
 15 GTnGATTTn 489

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 579:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1287 base pairs  
 20 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

25 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 579:

CGTACTGCAT CATTTGTTGA AAAATTGCA AACTTCTTCA AGATGTTATG GCTTAGACTT 60  
 AAAGCGATGA AGCACTACAA AGCCTTAAAT AAAGAATCTA AGAAGCAAGA ATTTGAAAAT 120  
 30 TCATTCAAAG ATGTTCAAAA AATTATGCGT ATTGTGAATC ACAATATTAT TTTACGCTTA 180  
 AAAGAAGAAC AAAATAGTAC AAATGTACTT GAGGTAGCT TAGTCATTAA TCATTACTAT 240  
 GATATGAGTC GCTCATTAAA GTGGCGTGCA CAACGTCGAA AAGAACGTCA AGAAAACAGC 300  
 AATCAAATCA TACCGCAAGC TATGTTCCAT AACCACAAAT TGGAAGCATT GTACTTACAA 360  
 CGTCATCTTT TAGATGAATT AATTCGCAA AATAAAATCA ACAATATCGT TGCAGCTCAA 420  
 40 ATTCGAGAAA ATATCAATTa CAACGAAATT GTCTTGCTTT TACAGTCCAA ACATTaAGCA 480  
 AGaCwTaCaw TmCCCCCGTA CATATGAGAC AAAGTCATTA TCATCTCATA TGTACGGGGT 540  
 TTTTATATTC AACATCAAAA AATCAGATTG ATGAAAAGTA AATAACCTTT CATCAATCCG 600  
 45 ATTTGATTAT AGAATCTATT TTTTAAGTTT AAATGGAATT GTACATACGT TAACATTCTT 660  
 TTGATAAATT AAATACAATT TCATACGCAA ACTAGTTTGA TTGTGTAATA AATTATGCCA 720  
 ACGTTTCTTA GTAATAAATT CTGGTATCAC TACTGTAATC ATATAGTTTT GATCGTTGGC 780  
 50 TTTACGATTA ATCTTATCGA TAAAACGTGA AATTGGTCGT ATAATACTGC GATATTCCGA 840  
 ATGTAAAATA ACTAATCTTA CATCTGGGAA ATGACGTTTC CATTTCTCTT GGAATGCTTT 900

55

TCGGTAATAA ATAGACTTAT CAACTGCTGT TGTAATACTT GTTATCGGCA CAATTGCTAA 1020  
 ATTACGATCT ACCACGTCCA CATTAGAAGC ATCAATGTCA GAACGTAATT GTTCTGCGAT 1080  
 5 ATCTCGATAA TGkTTGkTAA TTTTCAAGAA GAAAATCACC ACGAACGGCA AGAAAATAAG 1140  
 TATCGGCCAT ACTTGGCTAA ATTTAGTTAT GAGTAAATC cATAAnAACA ATAAATGTCA 1200  
 CGATACCACC AAGTAAGTTC ACAGACAACT TACTTAACCA ATTCTTAGGA CGTTCATGAA 1260  
 10 TCCATTTAAT AACCATACCG AATTGTG 1287

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 580:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1223 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 580:

GCCTCCTTTC CTATATCCAT GGGTGTCTTA GTTGGGAATG GCTTATTCCC TATCCCAAAC 60  
 25 ATCTGTCAAT TCAAGACTAT CACTGTATAC TAAATCGCCT nTCTATACnT CCATnCATT 120  
 CATTITCCAG TTGGAACAAT TTGTTTAATT ATTTTAAATA TCATTATCAA TCCAGAAGTA 180  
 TTTACTATTTC ACTTTTACAA TAATCAATCA TTTAACTACA CATGGGTAGT CGGTGGTTTG 240  
 30 CTTGGGGTTA GCTTTTAAAC TGGCAATTTA TTGTTATTGC CAAAATTAGG TGCAACATTA 300  
 ACTGTAATTG CAACAGTTGC GGGTCAAATT ATTATGGGTG TCATTATTGA TACATTGGA 360  
 35 TTATTTGGCG CTACAATTCA TGATTTTAAT TTAATTAAAG CAATTGGAGT ATTGTTACTC 420  
 ATTGTCGGCA TCGTCATAAT GAATCAATTT AACAGAATA ATTTATTACT AACTGATCAA 480  
 AAGTATTTAC TGTTTTGGCT TCTATTAGGA TTTATTTTGT GTTCTTTCC ACCTATTCAA 540  
 40 ACGACAATTA ATAGTGCTTT AGCTAGTCAT ACTCATTAC CAGCCTTTGC ATCATTAGTA 600  
 TCATTTACAA TTGGGTCAAT AGCGCTATTG ATTTTAACCG CTATTTTAA TCGTTCTTTA 660  
 AAATAAAAA CAAGTCATTT AAAATTCGGT AAATTAAAGC CTATCTATTT TACTGGCGGT 720  
 45 ATACTTGGCA TGGCTTTTGT AACAGCTAAC ATTATCTTAA TGCCTCATAT GGGTGCAGCA 780  
 TTAACAACAC TTATTGGGAT GTTGGCCAG ATTCTAATGG GCATATTGAT AGATCACTTT 840  
 GGATTATTTG GTTCACCTAA AATAGCAATG ACATCCAGAA AAATATTGG TCTATTATGT 900  
 50 ATTTTGACAG GCATTATACT TTTAAGATTA TTTTAAATTA ACTTTTAGCT TATCATTTTA 960  
 ACTTGTAATT ATTTTAAAA GTGATAAGCT ATTTTTTGT GGTCTAAAA TCTTTAGAAA 1020

CAACTCATTTC TTAAGACCTA AATTAATGTT ATnTTTTAAT AATTACACC AAATTAATAG 1140  
 CAAAATTAT GTTATTCGTG CTAATATTTT ATAGTTGGTT ATTCAATTAA TTAAAAATAA 1200  
 5 GTCAAAATGC ACAACTTTTT ATn 1223

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 581:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 454 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 581:

CACCTTTTTC TCATGCTTAG TTATCAATAA ATCTATATTT TGCTGTTTTA CAATTTTTTT 60  
 20 AACTTTATCA ATCTCATTAT CTTGGACTAA ATAAATATAT GATCTTGCAT CTGTTGCTAG 120  
 AGCTTGTTTCG TGTTTTTCTG ATAAACATA TGTGATGGAA GCGTGAATAA TAATGCCTAA 180  
 TGTAACAAAA CTGATAATTA ATATACTGCT TATCAATAAC ATTAAGCGGT GGTGAAACTT 240  
 25 CATCATTGTT CTTTAGGTCT TTCCAATTTA TAGCCTAAGC CACGCACAGT TTTAATAAGT 300  
 TGTGGCTTCT TAGGATTATC TTCTAATTTA TCTCTTAAAT GACTGATATG TACATCAACA 360  
 ATTCTTGAGT CTCCTGCAAA TTCATAATTC CATACCGTAT TTAACATATG CTCTCTCGTA 420  
 30 ATGACTCTGC CTTGTCTTTC TATCAAATAA AGCA 454

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 582:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 452 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 582:

TTTATAAGAT TTTATTTACA AATAATTGGT TTTCATATGT ATAAACACTT TTGACTTTCA 60  
 45 AATCTTAACG ATAATTCTAT TACAATACAA TCCCCTATTA GAATGATTTA TGTAATAAAA 120  
 AAAGCGGAGT TTCCCCCAGC TTTTCTAAAC GACTACATAA AATATAAGAT TGCAATTAAA 180  
 TGCAATAGTG ATGCTATTAC AATAAAAATA TGCCAAATCA TATGAAAATA TGGTCTATTC 240  
 50 TTTTGTGCAT AAAACCATGC ACCAATTGTA TAAGACACAC CACCTAAGAA AATGAATAAT 300  
 ATGAATATCC ATGATGTGCG AATAAAAATA ATTGGTAACA AGATAATACC TACCCAGCCC 360



AAAATCCCCC AAAGTGTCGT TCCCCATAAT AA

452

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 583:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1472 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 583:

15	CGCTTTTTCG AATAAGTCAT TAGCCGCTTT TAAGCCTTCT TCTTTTCGAT CTACAACAAG	60
	TAAAATAAAT GGCTTTAACG CTTCTTCTTT TTCACTTTCA AGCATATCTG GTTTTTGAAC	120
	CATTTCAAAT GGAGATTTC AATCCATTATT ATCGCTCATT TCAATAATTG CATCATACTG	180
20	TGCTTGTGAC AACTTGCAA TAGCCTGTTT TGCATTTTCT TGAAGGAAAT ATAAGTTTTT	240
	CAATTTAGGA TGCTTATTTA ATGTACTTAA TGTAATCGGT GTAATGTCTT TCTCATAAGA	300
	CACTTCAATC ACTGTACTAT TTGTTCTACC AGGAATTGGT GGTTTTTCAT GAATATGCTT	360
25	TGATACTTCT CCAATTCCAA CGACAGATTG ATTTTTCGTT CGATTATAAA AAATAATATT	420
	GTCGCCTTCT TCTAACTGAG TATAAAAATG ATAACCATT ACGTTTAATAC CGTTGTACGT	480
	GTGCGTATAA ATCGTATATT GGTTTCCAGG TTCAAATTCT TCAGTTTCAG CTAAAAGAA	540
30	ATAACGCGGT ATCTTAATTT CGCCTTTACC AAGACCACTT ATTAAATCAA ACTCTTCTGC	600
	AGTGATTGGA TTGAACAATG TCTCTTTCAT ATnACTTATA CGAAATTCCA AAGCTTCACT	660
35	ACGCTTTAAA TAATCTGCTG TTAATGGTTT CAATTGTTCA TTAACACGAA ACTGTACACG	720
	TATTTTATTT TGTGCACCTG TTTCAACACT AATAATTTC AATCAATCCA GTAGTCCAGT	780
	ATCCGTCTGA ACTTGATAAA AGATGACTTG ATCTCCTACT TTAGCCTTTT TAAACGCTCT	840
40	AAATCCTTGA GATGGGTAA AATGTGCGCC TGATTCAAAT AAAGCTGTTT GTCCTACTAA	900
	CGGTTCAATTA TGATTCCAAC GGTTATATCC ACAATTCAAC CAAAATAAT TCGTTTCTGC	960
	TGTCATCTTA AACTCCTTA ACCTGAATAA ATTTTAGAAA CACTATGAAT TACATTCTTT	1020
45	tAGTGTCTTCT TATGCAGTTG GACGCGTATG CGAACAACTG TATACCCTTT GTTCACTGCG	1080
	ATTTTAATCG CATTTCTAT AACATTGTAG CGCCCAGGAC ATTAATTTAC GTCCCAGACC	1140
	CTTATCGTTT TCACTTCTAA GTAAGTCGAA CTATTTTGCT TTACAACAAG TGCGAUCTTA	1200
50	AATACAGTTG GACACACATA CGAGCAACTG TATACCTTTT AATCAGTTTT CTATATTTTA	1260
	TTTATTATAT CTGTCTTAAT GATAAAAATT GTTACAAACA GTTTAACATA TTTAGCTACC	1320

ATGATACCAC TATGCTTGCh TATCTCTATA GCGCCATTGA TACACATTTT TAAATATCTA 1440  
TACTGCCGTT AGAATTTTAT CATGTCTnAA TT 1472

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 584:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 787 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 584:

GGTAGTGAAT GGGGTTCAAG ACAACAGTAT TGGAAGTACG AATGAATCAC AGTTTTTTAGG 60  
AAATTATATT GTAATTAAGC ACGCAGAAAA TGAGTATAGC TTAATAGCTC ATTTACACCA 120  
ATATTCAATC ATTGTGAATG AGGGGCAAAA TGTAAATAT GGTGATATCA TTGGGAAGGT 180  
TGGGAATTCT GGCAATTCTA CTGAACCTCA TATACATTTT CAAGTAATGA ATGATAAGAA 240  
TATTGAAGCA TGTACATCTT TAAAAATTCG ATTTATAAAT AATCGAGAAC TTATCAAAGG 300  
GGATGTGGTC TCGGATTAC AAGCTGAATG ATGGCGATAC TTATAAAATC TCGACACTAT 360  
AAAAATGGTA TAGTGTGAG ATTTTCTTGC TTATTTAGTT AATTCAAAGT GCACGCCGGA 420  
TTCATTAGAA GTCGACGTAT TTTTGTTTGT AATAGAGTAA CCGGTCATTG AAATTTTAGA 480  
TTCAATATCT GAAGCGGAAT TTGTAGATTC AGGATTATAG AAGCTACATT CATAAGTGTT 540  
ATCATCTTTC TTTTAAAGTA TAAACATACC TTTGGCTTTA ACTTCGACTT TAGTGTTGTT 600  
AATGTCAAAA GTTTGAGTGC TATTACTATA ATTAACACCA GCCCAAACCG ATTCATTATC 660  
TTTCACAACG GGAAGTCAT CTTCTTGCTT AACGACGTnA CTTCATCTTT CTCTGTCTTA 720  
AAGACATCTT TAGATAAGCC TGGATACAAC ACATATCCAT ATTTATTGTC AGAATTAGAA 780  
TGCTTTT 787

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 585:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 830 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 585:

ATGCTAAATT AGGGGGAATA TTTACGATAA AGAGACCAGA AAAATAATAA AACACATGCT 60

TAAAATGAAG ACTATTTTTT ATTACAAGAA AATGTATCTA GTAAACTTAA AGTAGCAAGA 180  
 CCTAATAAAT TTAATGCATG TTGTGCACCT TTTTACCTT GGCCAGCTTC GAAATGTTTG 240  
 5 TAAGCAGCTA CACTTAAAAT GCCTATCGTT GATAGTGATG CAAGGCGAGA AATGTTTTTA 300  
 TTGATAAAGC TAGCTGAGTA TAAAGCAGCA GTAGTTGCTT CTGCAATGCC GACGTATTTT 360  
 ACAAGTTCTT TTTGCAAGCC AAAAGTATGT TCAAACAGTT CAATCATACC CTTATCTTCT 420  
 10 TGCAATTTAG GTTTACTGGC TTGGTATAGC TCTTTCGCAA GTTTTAAATT CGTTGCGTAA 480  
 CGCAAAATCA TATTTAATTC CTCCAATAT TTGATTTTTT GTGAAAGATG ATTACTTTAT 540  
 CATTTTTACC CGTTTCTATA AAAATGAATC AATTATGTAA CGTATGTGTA GTTTAGGAAT 600  
 15 GTTTGCTATG GAAATATAAT TCTGTTCAC TCAAATGTAT GAAATTAATG TGTAGTTTGT 660  
 TCGAGTTGCT CTTTAAATTT GGTAGATTG TTTTTAGAG AAGCGGTACT ATTTTAAAGT 720  
 20 GCATCAACAG ATTTACCTTC GTTTTGAGAC ATTGAGTTTA TTACAGCACG AAGTTCTGTT 780  
 TCTAGTATGT CaGCGTCGCT TTAGCATTAG AACTTAaTat TTAtActCTT 830

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 586:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 412 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 586:

TTAGGACGTT TTTACAATCA GTACAATGAG CTCATTGTTA TTAGTCCTTT AACGGCGTCT 60  
 TTTAATGCTG GCGCTACATT TGGGCGATTT CATCATTTAA TTGATACTGA AACTTTAGCA 120  
 AAATTAGAAC ATGAAAAAGG ACATTATTAT CAGAAGATGA TATGTGATGA CAATGTAGAA 180  
 40 ATGATTTCTA TAAATAACAT ACCGAAATAT CCGAGAAATC ATAATGTATT AACTAATCAT 240  
 GACTCATACG AATATTCATT GAATTTAGGA AGTAGTAATA GTTATTCAAA GTATGAGCTT 300  
 ACCTTAGATG ATATTTATGT TGGTGCTACC TTTtAACAAA TTATATTTAT ATTCTAGCCm 360  
 45 ACTAAATAAA AGGGkaCtaT TTGaATCaAA CmATaTGtAT TAACCTTTTT TA 412

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 587:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 4709 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 587:

	TTCAGTTTGA AATTAATCAT ATAAATTTCT TATGGGAGGG TTGATATCTT AATGATTAAAC	60
5	ATTATTTTCAG CTATAGGATC TATTGGAACA TTTATTATGG CTTTATTTTA TTTTGTATCA	120
	GTTTCAGTTC AACTTTATCA AATGAAAATT AGCTTTCTGC CAGCTTTAGG TTTTAACCAA	180
	ATTTTATTAG AAAGGGAGGA GGATCAACTT AATATAATGA ATTCCGGCAAC AGAAGAGCAT	240
10	CATCATAAAG ATTATATTAA ACTATATAAT TTAGGTGGCG GTGCTGCTAA TAAAATTGCA	300
	ATAGAGGTTT TATTGGGGAA GGATrAGTC ATTCAGAAAA AATACGTGCA TATTktACCT	360
	AGTAAAGAAG GGTACATGTT ACCAATTAAT AAAAATGTGT ACGAAGAATT AGAAAGAACG	420
15	ATTGASAACA ATGGTCATGA AGCTGATTTG AATGTACGTA TGACTTATTA TCATAATGTA	480
	AGTCGCAAAC AACAGGAAGT TATATTAAAA GGTCAAATCG ACCGTTTTAA TACTTATAAT	540
20	AATAAAGAAA TTTATGATTT GCAGTTTATC TAAAAATTGA TTTAAGAGGG TAGTTGTTTA	600
	TTGCGAAAAA TATCATTCAA TTTTAATGAA ATAATGGCGT CATTACTATA AAATATTACT	660
	TTATGTTGTA ATGCATTTTT CTATAAGATA GAACTAAAAG GAGGGGCAAA GATGCAAATT	720
25	AGACAAATAC ATCAACATGA CTTTGCTCAA GTGGACCAGT TAATTAGAAC GGCATTTGAA	780
	AATAGTGAAC ATGGTTATGG TAATGAATCA GAGCTAGTAG ACCAAATTCG TCTAAGTGAT	840
	ACGTATGACA ATACCTTAGA ATTAGTAGCT GTTCTTCAAA ATGAAGTTGT AGGGCACGGT	900
30	TTACTAAGTG AAGTTTATCT TGATAACGAG GCACAACGGG AAATTGGATT AGTGTTAGCA	960
	CCTGTATCTG TTGATATTCA TCATCAAAAT AAAGGTATTG GGAAGCGATT GATTCAAGCA	1020
35	TTAGAACGAG AAGCAATATT AAAAGGATAT AATTTTATCA GTGTATTAGG ATGGCCGACG	1080
	TATTATGCCA ATCTAGGATA TCAACGCGCA AGTATGTACG ACATTTATCC ACCATATGAT	1140
	GGTATACCAG ACGAAGCGTT TTTAATTAAA GAATTAAAAG TGAACAGTTT AGCGGGAAAA	1200
40	ACAGGTACCA TAAATTACAC ATCTGCTTTT GAAAAAATAT GATTTCAAGC TAGGATTACA	1260
	TTAGGTAGAG TTCATATTAA TAATAAAAAA TGTTTGCAAT CAAATCGTAC GTTGTCGTTT	1320
	GTAATTCTTA AAATAGCAAT AAATAAAATG TTTGTTAGTA AAGTATTATT GTGGATAATA	1380
45	AAATATCGAT ACAAATTAAT TGCTATAATG CAaTTTTAGT GTATAATTCC ATTGACAGAG	1440
	ATTAAATATA TCTTTAAAGG GTATATAGTT AATATAAAAT GACTTTTTTA AAAGAGGGAA	1500
50	TAAATGAAT ATGAAGAAAA AAGAAAAACA CGCAATTCGG AAAAAATCGA TTGGCGTGCC	1560
	TTCAGTGCTT GTAGGTACGT TAATCGGTTT TGGACTACTC AGCAGTAAAG AAGCAGATGC	1620
	AAGTGAAAAT AGTGTTACGC AATCTGATAG CGCAAGTAAC GAAAGCAAAA GTAATGATTC	1680

55

	GTCAAACACT	AATAATGGCG	AAACGAGTGT	GGCGCAAAAT	CCAGCACAAAC	AGGAAACGAC	1800
	ACAATCATCA	TCAACAAATG	CAACTACGGA	AGAAACGCCG	GTAACCTGGTG	AAGCTACTAC	1860
5	TACGACAACG	AATCAAGCTA	ATACACCGGC	AACAACTCAA	TCAAGCAATA	CAAATGCGGA	1920
	GGAATTAGTG	AATCAAACAA	GTAATGAAAC	GACTTCTAAT	GATACTAATA	CAGTATCATC	1980
	TGTAAATTCA	CCTCAAAATT	CTACAAATGC	GGAAAATGTT	TCAACAACGC	AAGATACTTC	2040
10	AACTGAAGCA	ACACCTTCAA	ACAATGAATC	AGCTCCACAG	AGTACAGATG	CAAGTAATAA	2100
	AGATGTAGTT	AATCAAGCGG	TTAATACAAG	TGCGCCTAGA	ATGAGAGCAT	TTAGTTTAGC	2160
	GGCAGTAGCT	GCAGATGCAC	CGGTAGCTGG	CACAGATATT	ACGAATCAGT	TGACGAATGT	2220
15	GACAGTTGGT	ATTGACTCTG	GTACGACTGT	GTATCCGCAC	CAAGCAGGTT	ATGTCAAAC	2280
	GAATTATGGT	TTTTCAGTGC	CTAATTCTGC	TGTTAAAGGT	GACACATTCA	AAATAACTGT	2340
20	ACCTAAAGAA	TTAAACTTAA	ATGGTGTAAC	TTCAACTGCT	AAAGTGCCAC	CAATTATGGC	2400
	TGGAGATCAA	GTATTGGCAA	ATGGTGTAAT	CGATAGTGAT	GGTAATGTTA	TTTATACATT	2460
	TACAGACTAT	GTAAATACTA	AAGATGATGT	AAAAGCAACT	TTGACCATGC	CCGCTTATAT	2520
25	TGACCCTGAA	AATGTAAAAA	AGACAGGTAA	TGTGACATTG	GCTACTGGCA	TAGGTAGTAC	2580
	AACAGCAAAC	AAAACAGTAT	TAGTAGATTA	TGAAAAATAT	GGTAAGTTTT	ATAACTTATC	2640
	TATTAAAGGT	ACAATTGACC	AAATCGATAA	AACAAATAAT	ACGTATCGTC	AGACAATTTA	2700
30	TGTCAATCCA	AGTGGAGATA	ACGTTATTGC	GCCGGTTTTA	ACAGGTAATT	TAAAACCAAA	2760
	TACGGATAGT	AATGCATTAA	TAGATCAGCA	AAATACAAGT	ATTAAAGTAT	ATAAAGTAGA	2820
35	TAATGCAGCT	GATTTATCTG	AAAGTTACTT	TGTGAATCCA	GAAAACTTTG	AGGATGTCAC	2880
	TAATAGTGTG	AATATTACAT	TCCCAAATCC	AAATCAATAT	AAAGTAGAGT	TTAATACGCC	2940
	TGATGATCAA	ATTACAACAC	CGTATATAGT	AGTTGTTAAT	GGTCATATTG	ATCCGAATAG	3000
40	CAAAGGTGAT	TTAGCTTTAC	GTTCAACTTT	ATATGGGTAT	AACTCGAATA	TAATTTGGCG	3060
	CTCTATGTCA	TGGGACAACG	AAGTAGCATT	TAATAACGGA	TCAGGTTCTG	GTGACGGTAT	3120
	CGATAAACCA	GTTGTTCCCTG	AACAACCTGA	TGAGCCTGGT	GAAATTGAAC	CAATTCCAGA	3180
45	GGATTCAGAT	TCTGACCCAG	GTTCAAGATTC	TGGCAGCGAT	TCTAATTCAG	ATAGCGGTTC	3240
	AGATTCGGGT	AGTGATTCTA	CATCAGATAG	TGGTTCAGAT	TCAGCGAGTG	ATTCAGATTC	3300
50	AGCAAGTGAT	TCAGACTCAG	CGAGTGATTC	AGATTCAGCA	AGCGATTCCG	ACTCAGCGAG	3360
	CGATTCCGAC	TCAGACAATG	ACTCGGATTC	AGATAGCGAT	TCTGACTCAG	ACAGTGAATC	3420
	AGATTCCGAC	AGTGACTCAG	ATTCAGATAG	CGATTCTGAC	TCAGACAGTG	ACTCGGATTC	3480

55

CGATTCTGAC TCCGACAGTG ATTCCGACTC AGACAGCGAT TCAGATTCCG ACAGTGATTC 3600  
 CGACTCAGAT AGCGATTCCG ACTCAGATAG CGACTCAGAT TCAGACAGCG ATTCAGATTC 3660  
 5 AGACAGCGAT TCAGATTTCAG ATAGCGATTC AGATTCCGAC AGTGACTCAG ATTCCGACAG 3720  
 TGACTCGGAT TCAGATAGCG ATTCAGATTC CGACAGTGAC TCAGATTCCG ACAGTGACTC 3780  
 AGACTCAGAC AGTGATTCCG ATTCAGCGAG TGATTCCGAT TCAGATAGTG ATTCCGACTC 3840  
 10 CGACAGTGAC TCGGATTTCAG ATAGCGACTC AGACTCGGAT AGCGACTCCG ATTCAGATAG 3900  
 CGATTCCGAC TCAGATAGCG ATTCAGAATC AGACAGCGAT TCAGATTTCAG ACAGCGACTC 3960  
 AGACAGTGAC TCAGATTTCAG ATAGTGACTC GGATTTCAGCG AGTGATTTCAG ACTCAGGTAG 4020  
 15 TGACTCCGAT TCATCAAGTG ATTCCGACTC AGAAAGTGAT TCAAATAGCG ATTCCGAGTC 4080  
 AGTTTCTAAC AATAATGTAG TTCCGCCTAA TTCACCTAAA AATGGTACTA ATGCTTCTAA 4140  
 20 TAAAAATGAG GCTAAAGATA GTAAAGAACC ATTACCAGAT ACAGGTTCTG AAGATGAAGC 4200  
 AAATACGTCA CTAATTTGGG GATTATTAGC ATCAATAGGT TCATTACTAC TTTTCAGAAG 4260  
 AAAAAAGAA AATAAAGATA AGAAATAAGT AATAATGATA TTAAATTAAT CATATGATTC 4320  
 25 ATGAAGnAAc rCCTTAAAAG GTGGCTTTTT TACTTGGATT TTCCAAATAT ATTGTTTGAA 4380  
 TATAATTAAT AATTAATTCA TCAACAGTTA ATTATTTTAA AAAGGTAGAT GTTATATAAT 4440  
 TTGGCTTGGC GAAAAAATAG GGTGTAAGGT AGGTTGTAA TTAGGGAAAA TTAAGGAGAA 4500  
 30 AATACAGTTG AAAAATAAAT TGCTAGTTTT ATCATTGGGA GCATTATGTG TATCACAAAT 4560  
 TTGGGAAAGT AATCGTGCGA GTGCAGTGGT TTCTGGGGAG AAGAATCCAT ATGTATCTAG 4620  
 TCGTTGAAAC TGAATAATAA TAAAAATAAA TCTAGAACAG TAGAAGAGTA TAAGAAAAGA 4680  
 35 TTGGATGATT TCAATATGGT CCnTTCCCA 4709

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 588:

- 40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1554 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

45

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 588:

50 CTTTTTTAA tTAwCgGaAtA TTGtCaTgaT tAcAcTTCGt TAGGGTTTAc gTCGtAATTT 60  
 CATTTaATAA gCgCTTCaC ATTAAAtGTG gTAmCCTTTA ATTCGCCAGT AGAAACATCA 120  
 CAGTAACTAA GCGCAATTTc AGGTTGATTC ATAACAAAAC TTAAATATA GTTATTTTGT 180

55



CGTCTAACCA TACCTTTCGT TTGTTTCGGA TCTTCCATCT GTTCACAAAT AGCTACTTTA 300  
TATCCATTAT TAACAAGTGT ATCTATATAA CTATCTGCAG AATGATACGG AACACCACAC 360  
5 ATCGGAATTG GATTTTCTTT TTTAGCATCT CTTTtagTTA AAGTAATTTC AAGTAyACGT 420  
GATGCCTCCT TGGCATCTTC ATAAAACATT TCATAGAAAT CACCTAGTCT AAAAAATAAT 480  
AAGCAATCTT GGTATTCTGA TTTTATTTTT AAATATTGCT GCATCATTGG TGTAACATTA 540  
10 GACATATTAT TTCTTCACAA CCCTTGTCTC TTTTAAAT TTGTCTTTAC AATATATTCTG 600  
TTTGTAAGyT TTTTAATTAT TAATTATTTA ACTTATACAT TTTAACATAC TTACTTTTAC 660  
AAACCTATTC ATACCATATA ATCACGAAGC ATCTTAAATG TATAAGAAAA CGCCTCAAAC 720  
15 CTAATAAAAT GTGTCAATAG CATGTTTAGA ATTAAATTAA AATTCTAACA TTCAAGACAT 780  
TTAATTAAGT AAGGGCGTTC AATATTAAAA TGAACAATGA CTCTGTTTGA AATCATATAT 840  
20 CATAAAATTA TTTTATAAAC CTTTGAAGAA TACCACGTTT TTTTAGAGTA ATTAATAAGA 900  
AATAACTTAT AATAGATCCG ATAGCACTTG aGACTATGaA CGTAATCATT AACGGTTTAA 960  
TGAAGAAGTC TTGAAGCCCA AGGaAATATG CTAATGGtAT aCaAATTAAA cTTCCgATGA 1020  
25 CaCCAGTTCC aAGTACTTCa CCGACCGCGG CCaTAAATAT ATGTTTACGA TATnygTAAA 1080  
ACATACTAGC CAATAAAACT CCAATCATAC TACCCGAAA TGCAAAAGst GTACCAGTAC 1140  
CAAAAAGAAC TCTTAAATTT GATGATATAA GCGCTTGAGC TAATCCATAC CAAGGACCTA 1200  
30 CTATGACCGC ACTTAATACA TTTACAAAAT GCTGTACTGG TGCTGCCTTA ACTGGTCCTA 1260  
GAGGAATGAT GATAATACTG CTTAATACAA CATTTATTGC AATTAAAAGT GCAGTTATAG 1320  
CCAGTTTTCT TGATTTTATA TGATTGTTCT CCTTTTTGTT TGTAATTAAT CACTATGCTT 1380  
35 GGCTTTATTA TGGTCATTTA AACGTGTTTC CATTGTTGAT ACAAACATTT TCAATAATTG 1440  
ATTCGCTTCA TATTGTGAAG TTTGAACTG TTCAACTATG GGCAATGTAT TTATTTCTGC 1500  
40 TTCTAtACTC TGAATGGtAT GTTCCGACTG nTCCAGCGCA TTTGTTTCCC GnAA 1554

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 589:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 45 (A) LENGTH: 638 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 589:

TTTTGACGAA AAAAGTTGAT TTACAAATAT ATAAACGTTG TGATTTCAAT GTTTGTATAG 60

55

TATATACATG ACAGCAACTT GGGAAAAAAA GGAAGGTAAC GAAGGTTTAT TAACTGTTAC 180  
 TGTTCCTGCA GAAAAAGTAA ACAAAGCrCT GAGAGATCCC CTCATAATTT CCCCAAAGCG 240  
 5 TAACCATGTG TGAATAAATT TTGAGCTAGT AGGGTTGCAG CCACGAGTAA GTCTTCCCTT 300  
 GTTATTGTGT AGCCAGAATG CCGCAAAACT TCCATGCCTA AGCGAACTGT TGAGAGTACG 360  
 TTTTCGATTTC TGACTGTGTT AGCCTGGAAG TGCTTGTCCC AACCTTGTTT CTGAGCATGA 420  
 10 ACGsCCGCAA GCCAACATGT TAGTTGAAGC ATCAGGGCGA TTAGCAGCAT GmTATCAAAA 480  
 CGCTCTGAGC TGCTCGTTCG GCTATGGCGT AGGCcTAGTC CGTAGgCAGG ACTTTTCAAG 540  
 TCTCGGAAGG yTTCTTCAAT CTGCATTCCG TTCGAATAGA TATTAACAAG TTGTTTGGGT 600  
 15 GTTcGAATTk CAACArGTaA GTtAGtTGCT AGAnCCCA 638

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 590:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1242 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 590:

AAAATATTCC CGTACATTTT GATGTCTGTA GGGGCTTTTT TGACTTTAGG ATTTGTCATT 60  
 30 TTTTCAATTC ATAAAGGGAG ACGAACGAAA AATGAATCAG CACGTAAAAG TAACATTTGA 120  
 TTTTACTAAT TATAATTACG GCACATATGA CTTAGCAGTA CCAGCATATT TACCGATAAA 180  
 AAACCTAATA GCTTTAGTAT TGGATAGTTT GGACATTTCA ATATTTGATG TCAATACACA 240  
 35 AATTAAAGTG ATGACGAAAG GTCAATTACT TGTTGAAAAT GATCGACTCA TTGATTATCA 300  
 AATCGCTGAT GGAGATATTT TGAAGTTACT ATAGGAGGGA AAATAGATGG TTAAAAATCA 360  
 40 TAACCCTAAA AATGAAATGC aAGATATGTT AACGCCTTTA GATGCTGAAG AAGCAGCTAA 420  
 AACAAAATTA CGCTTAGATA TGAGAGAGAT TCCTAAGTCT TCAATTAAAC CAGAACATTT 480  
 TCATTTAATG TACTTATTAG AACACATTC TCCATATTTT ATAGATGCTG AATTAACTGA 540  
 45 ACTACGTGAC aGTTTCCaAA TACATtATGA CATTAATGAC AATCATACAC CTTTTGATAA 600  
 TATTAAATCA TTTACTAAAA ATGAAAAATT ACGTTACTTA CTCAATATCA AAAATTTAGA 660  
 AGAAgTAAAT CGTACACGCT ACACATTTGT GTTGGCACCA GATGAATTAT TTTTCACAAG 720  
 50 AGATGGATTA CCCATTGCTA AAACAAGAGG GTTACAAAAT GTTGTGATC CATTACCTGT 780  
 GTCAGAAGCT GAATTTTTTAA CAAGATATAA AGCGCTGGTT ATCTGTGCAT TCAATGAGAA 840

AACTAAAGTT ATTGAAGCGG CAACGTTAGA TTTACTAACG GCATTTTGTAG ATGAACAGTA 960  
 TCAGAAACAA GAACAAGATT ATAGTCAAAA TTATGCATAT GTACGCAAAG TAGGACATAC 1020  
 5 CGTTTTCAAA TGGGTTGCTA TCGGTATGAC AACGTTAAGT GTTTTATTAA TTGCATTCTT 1080  
 AGCCTTTTTA TATTTTTCAG TAATGAAGCA TAATGAGCGC ATTGAAAAG GATACCAAGC 1140  
 ATTTGTAAAG GATGtTATAC GCAAGTACTA AATACGTATG ATGATTTAGA TGGTaAAAAt 1200  
 10 TgaTAAAGAG GCACTTTACA TTTATGCCAA AAGTTATATC CA 1242

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 591:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 744 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 591:

TTCCAGATAG AGCCTTAGTT GCTGCCGCTG AATTGTCTGA TCGTTACATC ACTGATCGTT 60  
 25 TTTTACCAG ATAAAGCGAT TGATTAGTT GACCAAGCAT GTGCAACAAT TCGTACGGAA 120  
 ATGGGATCAA ATCCAAGTGA ATTGGATCAA GTTAATAGAC GTGTCATGCA ATTAGAAATT 180  
 GAAGAAAGCG CACTTAAAAA TGAATCTGAC AATGCGAGCA AACAGAGATT ACAAGAACTA 240  
 30 CAAGAAGAGC TTGCCAATGA AAAAGAGAAA CAAGCAGCAC TTCAATCTCG TGTAGAATCA 300  
 GAAAAAGAAA AAATAGCAAA TTTACAAGAA AAACGTGCGC AACTAGATGA AAGTAGACAA 360  
 35 GCGTTGGAAG ATGCACAAAC AAATAACAAT TTAGAAAAAG CTGCTGAACT ACAATATGGA 420  
 ACAATTCCTC AATTGGAAAA AGAAGTTAGA GAATTAGAGG ATAATTTCCA AGATGAGCAA 480  
 GGTGAAGATA CAGATCGAAT GATTCGTGAA GTTGTAACAG ACGAAGAAAT TGGCGATATT 540  
 40 GTCAGCCAAT GGACAGGCAT ACCAGTTTCA AAATTAGTTG AAACAGAACG TGAAAAATTA 600  
 CTTCACTTAA GTGACATCTT GCATAAACGT GTTGTAGGTC AAGATAAAGC GGTTGACCTG 660  
 GTTTCAGATG CAGTAGTTAG AGCAAGAGCA GGTATTAAAG TnCAAACAGA CCTATTGGTA 720  
 45 GTTTCTnATT CCTAGGTCCn ACTG 744

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 592:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1449 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 592:

	TTGTTATAGT GTCTGAATCT GTGTAACCTCT TGCCCATGTG TTCTGAGTAA AGCACCCACT	60
5	GTTTATTAC TTTTCGTTGT AGTCTAGCTT CGTGTAGTAG TTTGTTTAAC TTTTGTGCTG	120
	ATATACCGTA GTCTGCCGCG ATTTGAGTTG TGGCTAATGT GCCAGTTGAT TTTAAGATTT	180
	CATCAACATA ATCTGCTTTG GGTTTTAGCT CTCCAATTC TTGTTGTAAA AGTAAGTTTT	240
10	GCTCTTTTTC TTTCTTATAC TCAGTCAACA CTGTAATGAT GTAGTCTGGA TCTTTTAATG	300
	TTTGTTC AAT TACATTGTCT GTTGCGTATA TACCGTGTTT GCGAATAGCT GGTaGGACAT	360
	CTGATGTTAC CCAGCGTTTG AATTTTCTAG CGGTTTCTCT AATTTTTCG TTTTGCTTT	420
15	GTTTAGAAGC ATCGAAGATT AGACTGTATA ATCCTGATTC GTTGATAATG ATCATATTC	480
	TGTTTTGACC TGATGCACTA AATTGGTGCG TCAGTTTGTC CTCGCTATCA ACATGATTC	540
20	TAATGGCATT GTCTGATCTT GCATATCCTA AAATCTCAGC AATATCTTTT CCTACAAAAT	600
	AAGGTTTCGTT TTCAATTTCT ACTGTTCTTA CTGGTAGCTC TTTAAAATTA AATGTTTGTA	660
	ATGCTTG CAT TTGAGTATCC TCCTTTTCC TCAACACCCA CATTCAGCAG ACGGTTATCG	720
25	CAATGACTAT CGAATGTATT TAAACGCGGC TCATATCATC GCCAGcTCTC GCTCACATCT	780
	GCTCAATGTG GATGTTGATA AGCGTGTTA TATTAAGAAG TGAATGTTAC TGATTCACTT	840
	TCCGCCACTC TGTTAAATCA GTAACCTTGT TATCGCTTTC AACACCGTTA AGCTTGTCTA	900
30	ACGCTTTCAC TACTTTTGG AACTCTTGA TAGCACTtCG TAGCTTTTAA GTAATTT CAT	960
	CTTCTACCAT TTCCAAACCA GCAAATGCGT CTTCGTTATT CATGCTTAGA TGTTTGTTGA	1020
	AAAGATCTCG AGTGTATCTT ATTTCTTTAA GTGATTTATC ATAAGCTTCA ATTTGTCCTG	1080
35	AAAGGTTATG ATATTTTAGT TG TAGTTTAA CTAATTTTAA TGATTGGTCT TGCATTTGTT	1140
	ATGTCTCCTT TAAGATGTTT GTTTGCGTTT CGTGTACTTT GTGGGTAAAA AAATATCTCC	1200
40	AATATTTTCG TCAAAAAAAT CAGCGATAAT AACATCTCA TCATTCTTAA ATTGATGCTT	1260
	TCCTAATTCT TTTAAACGAT AACCTTCAGT TGATATATTC AAGAGGTTTG CTAAATCTTC	1320
	TTGAGTACAC TTTCTTTCTT TTCTCAACTT TATTAAATTC CATTGCATGT TGTCACCTCC	1380
45	CGCTTTACAA AACCTACTAT ACACGATACG GTACTTGnGT CAACATAAAA GTTTGCTTTT	1440
	CGTGTATTT	1449

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 593:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1170 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 593:

5	ACCAAAAACA CTTTCTAAAG AAATTGTTTC AGAACCATT T GCTAAAAACC AATTACGTGA	60
	AAAAGCTCGT CTAAC TAACA TTAAAGGTTT AGAGATTCCA AGAGTTTCAT ACACTTTAGA	120
	CGATGATGAT TTCATTACAG ACGTAGAAAC AGCAAAAGAA TTAAAAGCAA AAGGTGATAC	180
10	AGTCAAGTTC ACTACTAATA AATTCAAAGT ATTTGCTGCA ATTTCAGATA CTGTAATTCA	240
	TGGATCAGAT GTAGATTTAG TAAACTGGGT TGAAAACGCA CTACAATCAG GATTAGCAGC	300
	TAAAGAGCGT AAAGATGCCT TAGCAGTAAG TCCTAAATCT GGATTAGAAC ACATGTCATT	360
15	TTATAATGGA TCTGT TAAAG AAGTTGArGG AGCAGACATG TATGATGCTA TTATTAACGC	420
	TTTAGCAGAT TTACATGAAG ATTATCGTGA TAACGCAACA ATTTATATGC GATATGCAGA	480
20	TTATGTCAA ATTATTAGTG TTCTTTCAA TGGAACAACA AATTTCTTTG ACACACCAGC	540
	AGAAAAAGTA TTTGGCAAAC CAGTAGTATT TACAGATGCA GCAGTTAAAC CTATTGTGGG	600
	AGATTTCAAT TATTTTGGAA TTA ACTATGA TGGAACA ACT TATGACACTG ATAAAGATGT	660
25	TAAAAAAGGC GAATATTTGT TTGTATTAAC AGCATGGTAT GATCAGCAAC GTACATTAGA	720
	CAGTGCATTC AGAATTGCAA AAGCAAAAGA AAATACAGGt CCATTACCCA GCTAAGCCCC	780
	AAAAGGT TAA TGTAACAGCT AAGGCTAAAT CAGCTGTAAT ATCAGCCGAA TAGGGGTGAT	840
30	GAAATGAGTT TAGAAGAAAk TAAATTGTGG TTGAGAATTG ACTATAATTT CGAAAATGAT	900
	TTAATTGAAG GTCTCATTCA ATCGGCTAAG TCTGAATTAC TATTAAGTGG GGThCCAGAT	960
	TATGACAAAG ATGACTTGGA ATACCCGCTT TTTTGTACAG CGATTAAATA TATCATTGCA	1020
35	AGAGATTATG AAAGTCGTGG ATACTCAAAT GACCAATCTA GAAGCAAGGT GTTTAATGAA	1080
	AAAGGATTGC AAAAAATGAn TTTGAAATTA AAAAAGTGGT AGGTGATTTT TAAATGGAAT	1140
40	TTAATGAATT TAAAGATCGC GCGTATnTTT	1170

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 594:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- |    |                             |
|----|-----------------------------|
| 45 | (A) LENGTH: 1393 base pairs |
|    | (B) TYPE: nucleic acid      |
|    | (C) STRANDEDNESS: double    |
|    | (D) TOPOLOGY: linear        |

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 594:

55	TGAAGGGTGT TTTGTTTATG GCCAATTGCT GTGTTATTAA AnCGAATGTT TCGAATGGAA	60
----	---	----

ATCATTCCGG AAGAGGACAT GTCTTCAGCT TCTGATTGA AAGCACAGTT TTATCGCGGT 180  
 ACTTTGCAGC GCTTTTACCA AtCnTTGCAC GCAGAAAAGC TTACACCTTA TGTTATGTCT 240  
 5 TATGACGATA TCATTTCAAT TTGTAAAGAA AACAAATATCT CTGAAGTAGT GACTGCGGGT 300  
 GATATTATGA GTTATCATCT TGAAGAATAT GATATTTTAC ATCAACGTTT TTTATTCAAT 360  
 GAAGCACGCA TTGCCGTTAC TTTGATACGT GGAATCATT ACTTTAAAGC GAGTAAAACA 420  
 10 ATGAATCAAC AAGGGGAGCC ATACAATGTT TTTACTAGTT TCTATAAAAA ATGGCGACCT 480  
 TACTTGAGGC ATAGAGACGT ATATCACTAT GATTTAAAAT CATTCGAAAA CTTTGTCATT 540  
 GCATCACCTG ATGATTTAGT GTTTGATGAC ATAGCATTG GATCCTCACA aATAATTGAA 600  
 15 CAGatAAATG GCAACATTTT TTAGATCAAG ATATACAGAA TTACGAAAGC GGAAGAGACT 660  
 ATTTACCTGA AGTATTAACA AGTCAGCTAA GTGTTGCTTT AGCATATGGA TTATTAGATA 720  
 20 TTATTGAAAT TTTTAATGAT TTATTGGCGC GTTATGATGA AGATGAGGCA AACTATGAAG 780  
 CATTTATACG TGAACTCATT TTTAGAGAAT TTTATTATGT GTTAATGACA CAGTATCCTG 840  
 AAACCTCATA CCAAGCTTTC AAACCTAAAT ATCGACAGAT AAAATGGTCG CAAAATGAAG 900  
 25 CGGATTTTAA TGCATGGTGC GAAGGGCAAA CAGGATTTCC AATCATTGAT GCAGCAATAA 960  
 TGGAATTGAC ACAAACTGGT TTTATGCATA ATCGAATGAG AATGGTTGTG TCGCAATTTT 1020  
 TAACCAAAGA TTTATTTATA GATTGGACAT GGGGAGAAAA ATTCTTTAGA AAGCACCTTA 1080  
 30 TTGACTATGA TGCAGCATCA AATATTCATG GATGGCAATG GTCTGCTTCT ACAGGTACGG 1140  
 ATGCAGTGCC GTATTTTAGA ATGTTTAATC CAATAAGACA GAGTGAACGC TTTGATGCTA 1200  
 AAGCTTTGTA TATCAAAACA TATCTTCCGA TTTTAAATCA AATTGATGCA AAATATTTGC 1260  
 35 ATGATACACA ACGCAATGAG TCCAACCTTT TTGAACAGGG GATTGAATTA GGTAGTCATT 1320  
 ATCCAAGACA AATGGTAGAT CATCAAGAAA AACGTACACA AGTTTTAGCT ACATTTAAAG 1380  
 40 CGCTAGACTA ATT 1393

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 595:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 45 (A) LENGTH: 1484 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

50 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 595:

TTAACCTTGAA AGATTTCCCC GACATCTATA ACTTGATATAA TGTGTATATG TCGTTTTTAG 60

55



	AAAAATTAAA AAAAGAATAT CTTGATTGGT ATAATCAGAC CTTAGAGTTT TCTAATTTAT	180
	CAAACAATGT AGTAAGWATA GATACTCCTT TTAAAGATAA TTCTTTAGAT AATTTAATAA	240
5	TTTACGCTTT ATACGATCAG TCCAGAGACA TGATTACACT GACAGATGAC GGCTATACTA	300
	TATcTGATTT AGAAAATAAT GGTATTTCTT TAAATAAATC AAAAAACGT AAAAGATTT	360
	TTGAAGAGCA CCTTTCAGCT TACGGTATTA AATATAACGA TAAACTCAC GAAATTTTTG	420
10	TTCAAATAA CTTTAAAAAT TTTAATAAAT CGAAACATAA TTTATTACAG TGCCTTATAT	480
	TTGTTAATGA TATGTACTTA CTTTcTAATC CTAAGTCACA GAACATATTT ACAGAAGATG	540
	TTGCAAACAA ATTGGATGAA CATAACATTT ATTACGGAAG AGATTTACCT ATTATAGGAA	600
15	GCAGTGGTGT TGTTCATAAT TTCGACTTTT TTATTAGCGC TAAGAAAAAT CAAAAAGAAA	660
	AATTTATCAA TGCTATTTCT AACCCTAATA ATTCTATGAT TATTAAGTCG AAAATAACGG	720
	ATGCTATGCA AGCAAAAAAA ATAAAAAGAC ACAGGCAAAA TGAGTTTATT TTTATTTTAA	780
20	ATGACTCAAA AAAAGAAATA AATGAACATA ATAAAAATCT TCTTCATGAA AACTATATTA	840
	GTACAATAGA TTATAGCGAA TTAGATGAAA AGATAGGTTT ATTGATTTAA TATATATAGA	900
25	CGTGATAATA TCAATGTTTA TATTAAATGA AACGAATTTG AAAATTTCTGA AACAGCTTAA	960
	GATAGCAAAT TGAATAGCCT TATTGATAAT GCAGAATCGT CTACACTTAG TTGAACAAAT	1020
	TCTATGAGAA TAGATATTGT TAAACTATTT GGGTAGGCGA TTTTATTTTG ACAAGAGTCA	1080
30	GAAGATTATT TAGTTCATAG TTTAAGTTAC AAATGGCTAA ACTTTATGAA AATGGTATGA	1140
	CTAGAATCGA AATTATACTC GAATACGATT TAACACTCTC AATCTTCTCG AACTGAATAA	1200
	ATACTGGGTC ATTCAATCAT CAAGACAAC TAATAAGTGA TGATAAATGT TCATACCATT	1260
35	TTGCAAATAT AACCAGATAC TCTCAACAAA ATGTAGAGTT CAAAATTAAA AATGTCCCTA	1320
	ATTGGCACAT TGCTGTATGA TAATAAATTC AACTTAGATT TCAACAATAT AACTAATGAT	1380
40	GCTTATATTT ACCGCGATAT CAAACCAAAC AGCCCATCCA CAAACAAATT AGAATATATC	1440
	mTGTTAATAA TAGTAAATGA TATATCTTCC AAAGACCGCA AACT	1484

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 596:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1435 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 596:

CTTTATCaTT AAATGCCaTT TTGaATCCTT CTTGAATTG TTTGATTTCC TTTTCAGTAT 120  
 TATTAACCTT GTTCAAGACA GTGCCATTAA TTTTCTTCTT GAGTGGACCA ACCTCATCTT 180  
 5 TATTAGTTGA TTCATGAATC GTTAATCCAA TGTGTGGCTG TATTCTATAA CCATCATTCG 240  
 CTATAGTTGA AACATATTGT GaTAATTGTA ATGGTGTATA GGTATCATAT TGACCAATTG 300  
 ATAAATCTAG ATAATTACCT GGATTATTTG TTAATGGTTC GATTTGACCT CTTGTTTCAT 360  
 10 TTGGTAAATC TATCCCTGTT TTCACACCTA AGCCTACTTG ATTTAATCCT CTTCTTAGCT 420  
 TTTGGGCAGG TGAACCTATG TCTGAAGGTA AAGCCATACC AGAATAATAA GGGTCTCCCG 480  
 CTAATTTTAA TGCTGTTTTA AACATATATA CGTTTGATGA ATGCATCAAA GCTTGCTTAT 540  
 15 CATTAATAGT TACATGCCCCG TTTTATTGA AGTATGATCG TTTTGTCAA CCACCTTGGA 600  
 AATGTAATGG TTCATCGACC ATTGTTTCTC CAACTTTGAT AGCTTTATTC TGATAACCGG 660  
 20 CTAATAATGT TCCACCTTTT ACAGAAGATC CAACCGCAA TTGAGAAGTA AACGTACCAA 720  
 TGTCATAATC AGTCATTTTA CCACTCTTAT TAATCTGCTT TCCGGCAAGC GCAAGAATGT 780  
 CTCCATTTTT AGGATTTTGT ACAACCATCA TTGcATTATC CATATCTTTG GCACCTTGAC 840  
 25 TGCGAsTTCT TAATTTGTTT ATCTAATAAT GCTTCTACTT CTTTTTGAAG ATCTATATCG 900  
 ATCGTTAATT TCAAATCTTG ACCGCGAGCG CCAGGrTTTA ACACTTCTGA AGATGTAAct 960  
 TTACCAGATT TGTCGGTTGT GTATTTcATT TCTTTCTTCT TACCACGcAA TACATCTTCA 1020  
 30 TATTGATATT CTAGGTAAGA TTTTCCAACA CGATCATTGC GTGAATATCC TTTGGATAAG 1080  
 TAATGTTCTG TCAATTCTTT TGGaATACCT TCAGCAGGTG TCGATACATC TCCGAATATA 1140  
 CCTCTTAAAG TATCGCCATA TGGATATTTT CTATCCCAAT CCATAGACGT GTTAACACCT 1200  
 35 GGTAATTTGG AAAGTTGCTG AGAAACTGCT GCATACTCTT TTTCACTGAC ATCTTCATTT 1260  
 TTTATCATTT GTGGATCTAA AACTGTTcCT GGCATTcATC TCTCGAAAA TAGCTAAAAC 1320  
 40 TTGGTAAATC TTTAGAAGAC AATTCATCTA ATTGTGGATT TTCCGGATTT CCGATAACAG 1380  
 TTGGTnIATC CATAATGGAT CCTGGTTTAA TACCTTCCAn CnGGCGAACA TAGCC 1435

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 597:

- 45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 516 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear  
 50

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 597:

55

AGAAAAAGAT TTAGAAAAGA TTACCATTCTG CGACATAACA ACACGCGCTG ATATCAATAG 120  
 AGGGACATTT TACTTACATT ACGAGGATAA ATATATGTTA CTCGCAGATA TGGAAGATGA 180  
 5 GTATATTTCA GAACTAACGA CATATACTCA ATTTGATTTG TTACGCGGTT CTTCArTTGA 240  
 AGACATTGCG AATACTTTTG TAAATAATAT ACTCAAAAAT ATTTTCCAAC ATATTCATGA 300  
 TAATTTAGAG TTTTATCATA CTATTTTACA ATTGGAACGC ACGAGTCAAT TAGAATTGAA 360  
 10 AATCAACGAA CATATTAAAA ATAATATGCA ACGTTACATT AGTATCAATC ATTCTATCGG 420  
 AGGCGTTCCA GAGaTGTATT TTTACAGTTA CGTTTCCGGA GCAACAATTT CaATTAnnTA 480  
 15 AATACTGGGG TAATGGACAA ACAGCCCATT TTCAGT 516

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 598:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1955 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 598:

AGTACTTTAC CATGAGGTAA GACTTTATTC CCTGCTTTTA TAGATTGTGC TTTTATTTGT 60  
 GTGCCAGAAC CAATAGtAct GGTcTAATGA TTTTGCACCTC ACATTATCAA TAGCTTTTTG 120  
 30 TTTGTCTTGA CCTTCAACAT CTGGCACTTT ACTATACTCT GCATTAGATG TGTCATCTTT 180  
 TGATTTACCT ACATTTAAAT ATTTCAAAGT ATTTTCCATT ATTGGTTTAA ACGCTTTACT 240  
 AACACCTAAT TCATAAGCTT CTTGGTCATT TTTTGTGCC AAGCTCATA CAGCGTATAC 300  
 AATAACTTTA GGATTTTCT TCGGCGCGTC ACCCATAAAA CTTACAAAAT ATGGGTTTGG 360  
 ACCTTTAACG TATCCACCAC CATTAGGTGC AGCGACTTGT GCTGTACCAG TCTTACCTTC 420  
 40 GACCTCATAA CCATCAATAC GATAGTTTGC AGCGTGACTC TTCTTACTAT TCACAACATA 480  
 ATCCAATTGC TTTTCAACTT TTTCAGCAGT ATCTTTTGTT ATTGGTTTGC CTGCGATTG 540  
 TTTTGGCCCT TTATAAAATT GTCTTTTACT AACAGGATTT TCAACGCTAT TCACAAACCA 600  
 45 TGGTTTTAAC ATATTACCAT CATTAAAGAA CGCTGATTGC GCTTGTAACA TTTGAACAGG 660  
 TGTACTGTT GTCGATTGAC CAAATGATGA CGTTTTTTGt TGCAACTCAT TACTCCATCC 720  
 AATTTGaCCA GGTGCTTCTC CATCAAACAT ACCTTTAGTT GaTTTTCCaA ATCCaAATCG 780  
 50 TTCATACCAA GATTTCAATTT TGTCTGCACC AACTAAATCT TGTAATGCA TCATCAATGT 840  
 ATTAGATGAA TAAGTAAATC CGAGTGACAT TGGGATTTCA CCCCAACCGA CTCTATTCCA 900

AAAAGCACCT TCTTGAATAG CAGCTGCTAA CCCATATGAT TTAAATGTTG ATCCAGGCTC 1020  
 GTATGTGTTT TGATAAAGGT CATTTGCCCA CTTTTTACCA AAGTCTTTAC CAGTTTCAGG 1080  
 5 ATTAAATGTT GGTCGCTGAC TGTATGCTAA AATTTCTCCA GTTTTGGCAT CCATGACAAC 1140  
 CGCAAATAAA TCTTTCGGCT GGTATCTTTC AACCATGCCA TCTAAAGCTT CTTCAACAAA 1200  
 TACTTGAATA TTTGAATCGA TTGTTAAATG GACATCATCA CCACGTTTAG GCTGCTTCTC 1260  
 10 TTTTTTAGTA TTTGGTGCGA TATATCCCCA AATATCATGA ATATATCTCA ATGATCCTTT 1320  
 AGATCCACTT AAATAACTAT CAAAAATCTT TTCAACTCCA AGTGCACCTT TAAGTTCACC 1380  
 AGTATCCGGA TTTTCTGAG CTCTACCAAT TAAGTGTGAT GCAAAATTGC CATTTGGATA 1440  
 AAAGCGTTCT GTTTCAGGCA ATAAAGAAAT ACCAGGCAAA TTCATTTTCT CTATTTTCAA 1500  
 TTTGTCCTGA TACGTTAAAT TTGTTCTTTT GCGTCCAAAT TCAATTGGA AAGCTTTCTT 1560  
 20 TTGACTAAGT CTCTTTTCAA TTTCTCTGG CTTCATATTA ATGACTGTAG ATAATTTCTT 1620  
 TGCAGTCTCT TTTTATCAA CTACATGCCT AGGTTTTTTA GAATTGGCAC TCGCCTTTT 1680  
 ATCTATTACT GCAACAAGTT TATATCTTTC TACATCTTCT GCTAGCACTT TACCATKACG 1740  
 25 ATCATATATC TTTCTCGTT CTGGTTGTTG TGCATTCTTA ACTAAATACT TTTCATTGTC 1800  
 CTTCATGACT AAATCTTGAC CATTAGAATG TCCAGTAATC ATGATATATG AAATTCTTAA 1860  
 AACCAATATA AAAAAGAGCA GTCCGAATAA ACCAACAAGT AGGACTGCCC CTATTTTATT 1920  
 30 TTTTTTAATT TTAATTTTTT TGGTCGCCAT TACTA 1955

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 599:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 704 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

40

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 599:

TAGCAAGAGT AGGTGATAAC AGTTCTTTTA ACGTGTTTGC TGCTTGCTCA TTTCTTGGCT 60  
 45 CATTGTAGAC TAAAATATAA TAAGCGTTTT CAAATAAGTG CTTTTTAGCA TTTAGTACAC 120  
 CAGATTTATG ACTACCAGCC ATTGGATGAC CACTGACTAA ATGAATATTA TGCTTTAATA 180  
 AATTGCATTC GTGTTGCTGT ATCATTGCTT TAGTACTACC AGTATCAGAA ACAATAACAC 240  
 50 CAGGTTTAGT TGGCATATCT ATAAGCTCGC TAAGATATTT ATTTGTGATA GCAACAGGTG 300  
 TTGCATAAAT AATTACATCG GCTTTTTTAA TAGCTTCACT ATAATTTAAA CATTTTTTCAT 360

55

TATTAGTATT AGGGTTATGG TATTTTATAT TGCTAGCAAG ACTTCCACCA ATTAATCCAA 480  
 GCCCAACAAA TAAAACTGTT GTCATATAAA TCACCTTATT TCGAAATTTT CAGAATAATA 540  
 5 ACATTGTAAA TGAGCTGTTG ACACAGTGCA ATAGTAAATA AAAATCGATA ATAGCATTAA 600  
 TAGATAAACG GAGATAAATC ATCTACAATA AAGAGTATAG TAACACAATG GCAACGGAGG 660  
 10 GGTAAATCAA TGGAACCAAT ATTAGAAATG ATcAAAACAT TAAC 704

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 600:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1158 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 600:

CCTCTAAAGG ATCACGAACC TTTTTCATCG TGACTAAGCC TATAATACCC TTAAAcCTAT 60  
 TATTATTAAC TTTTACCTCT GTGTATTCCC TATCAATTAG GCGACGCCAG TGACGTTTAT 120  
 25 CTATATACTT TACTTTCACA GTCACCAACT CCTTGTCATT ATTATATAAA ACTACATAAA 180  
 TGATGTCATG TCATGATACA GTTTTATAGT TTTTGTTAAT CATATGAAAA TATTTATTAT 240  
 TATTTTACTA CAACTCGCTT CAATTTACTT AAAATAGACA ATATTAATTA GATAGTACAC 300  
 30 ACATTTCTTC ATAAAAGTGA TTTTTCAAAA ATATAAATAA CACACTCTTA TCGTTTTCAA 360  
 AATCATTTAA TGCTATTTTC ATTAAAAACA GCTGAAGCAT CAAATCTATT CTGATTCAAT 420  
 CAAGAATACA TATAAAATG AAGTGACTCA AAGGTTTATT AACAACTTC AAACCACTTC 480  
 35 ATTGATCACT TTTATTTTAA AGCATATTTT TCGATTACTG ATTTAAGATG CGGATATTGC 540  
 GTAATTAATT CAGATTGCTT AAACAATTCA AACTGCTTAA ACTCAAATGC CGGTTGACAC 600  
 ATACAACCTA CTAAACTAAA AGTATTTGAT ATTTGATTG AAGAAGCAAA AATTGTTTCT 660  
 40 TTAGGCACTA CATATTGCAA TACATCTCCA TTTTGGATAT CAGTACCCAA TGTTGCAGTC 720  
 GTATATTCCC CATCCGGATT TATCATATGA ATTGTTAGAG AATCGCCAGC ATGATAGTAC 780  
 45 CATACTTCAT CAGCATCAAT TCGATGAAAA TCGGAAATAT TGTCATCTGT AAGTAAAAAA 840  
 TAAATACTAC TAAACGGCGC TCTGCGTCCA TCTTTCAATA CTTCTCGAAT TGTCTCTCTA 900  
 TAGAAACCAC CTTCAAGATG TGATTCAAGT TGCAATTcAT CaATCCATTG TTCTGCTGAT 960  
 50 TTCATTATTT CAAATCCACA TTATGGAATA CGTTTTGTAC ATCTTCTAAA TCTTCTAATG 1020  
 CATCGATTAA TTTTTCAAAT GTTACTTGGT CCGCTTCAGA AAGTTCAATA TCTGTTTGAG 1080

GAACGACTGC AAATTGAT

1158

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 601:

- 5 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 827 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

10

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 601:

15 TGATACTTAT TTTTCAATAT TATTTGGAAT AAAnTCITnT AATTGTGGTG TGAAATAAAC 60  
 ACCGAAATTC TTTTCAGATT CATCTTTTcC ACTACCTGCA TATAAAATAC CAATCAGTyC 120  
 ATGTTTAGAA TTCAATACAG GAGATCCTGA ATTACCTGGT TGTGCATACG CATCAAATTC 180  
 20 CATAAACGTT CCACTGATAT GGTTAATCGT TCCTGTCGAT TCAAACATTT TATATTTTGT 240  
 TTGTGCACCC TTTGGATAAC CAATAACAGA AATTCTATCT TTCACTTTTG CTCCGTCTGC 300  
 AAATTTTGTA TAACTAACGT TCTTATTAAA ATTCAAACCT TCTGTACTTG TTTCATGAAC 360  
 25 ATGAACTATC GCAAGGTCTT CTTTTCCGGG ATATTCTACA ATGTCTTTAA CGTCGTAGTT 420  
 TCCTCCGCCT TTACCTTTAC TCGAATGATG TGCTGATACT CTATTTTTAA AAATATCATT 480  
 ACTTTTAGCG ATATGTTTGT TAGTTACGAT TGTATTTTAA CCAACAATA CACCAGTACC 540  
 30 ACCCACAAAT GCTACCACTG aATTGTATGG TTCCTTAGTT GCATCGGTAA TTTCTTTGAC 600  
 ATTCTTTTCT GCTTTGGCAA TTGAATGArG CTGATTAGAA ATATTTTCAG CAAAACCAAG 660  
 AGATGTTAAA ATAGTTAAAG CAGTTAAACC TTTAACCATT ACATTTTAT TCATATTTTA 720  
 35 CCTCCTTCCA AATTTATTTT nATAGTTAAT GTATCTAGAT ACACATTTAC TATATACATT 780  
 TTAAATAAAA ATATTnATTA AATATTAATT AACCACTTAT nAACGTT 827

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 602:

40

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 796 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

45

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 602:

50 nGGnACGTAA AGTATTTATG TTAAATGGCA nAAATATATG AATGATGAGT TACCTGGATT 60  
 ACCAATGTTC CAAGGTAAAT CGATAACTAT TGTTAACGAT AAAGTACGAA ACTTAGACAT 120

55



CGACGATTTT GTCGAGGTTT ACTTATATGG GGGGATGTTA TGAATAATGT ATTGTTAGAG 240  
 GTTAAAGATT TAGAAACATC ATTAATAATA AATAATGAAT GGTAGCAAC TGTTGAAAAT 300  
 5 ATTTCTTTTG AATTATCTAA AGGAGAAGTT TTGGGTATAG TAGGGGAATC TGGTTGCGGT 360  
 AAGTCCATAT TAAGTAAGTC AATTATTAAA TTATTACCAG AAAAGATATC TAAACTAAGT 420  
 10 AATGGAGAAG TTATATTTGA TGGTAAACGA ATCGATACGC TCAATGAGAA GCAATTGCTA 480  
 GATATTCGAG GAAATGATAT TGCTATGATT TTTCAAGAAC CTATGACTGC TTTAAATCCT 540  
 GTATTTACCA TAAAAAATCA ACTTGTGGAA TCTATAAAAT CACATAAAAA AATTTCTAAA 600  
 15 AAAGAAGCAA ATAAATTAGC AAAAGATTTA CTAAAAAAG TTGGAATTGC TAGACAAGAT 660  
 GAAATATTAA ATAGCTATCC TCATCAATTA TCTGGTGGTA TGAGACAAAG AGTAATGATT 720  
 GCAATGGCCA TTTCATGTTT TCCTAAATTA TTAATTGCTG aTGAACCTAC AACAGCATTG 780  
 20 GATGTCACGA TTCAAG 796

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 603:

25 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1618 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

30

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 603:

GGATGTGTTT ATCCCAAATT GaAAcAgAaA TTTATGATCA AAtGATGTGG ATTGGTTTTA 60  
 35 AaCCATTCAa AATTaCCAAT ATTAmACAAG AATCTGAAGA CATTAAATCA TTTtACAGTT 120  
 GAAACTGAAG AATATGACTT TAGTGAATTT ACACCAGGCC AATACATCAC AGTTGATGTT 180  
 40 TCTAGTGATA AACTTCCATA TAGAGCTAAA CGTCACTATT CTATCGTATC AGGTGAAAAA 240  
 AACCATTTAA CTTTGTGGCGT TAAACGTGAT GTCACAACAG AACATGAAGG CGAAGTTTCA 300  
 ACAATTTTAC ACGATGAGAT TAAAGAAGGC GATATGATTA ATTTAsTGCG CCTGTAGGTG 360  
 45 GATTCGTATT AGAGAATACG ACTGAACCAC AACTTTTCTT AGGTTCAGGT ATTGGTGTTA 420  
 CACCTTTAGT AGCTATGTAT GAAGCTGCCT CTGCCAAAGG TTTAGATACA CAGATGGTTC 480  
 AAGTTGCTGA AAATGAACAA CATTACCTT TCAAAGACAA CTTCAACAGT ATCGCAAGCC 540  
 50 ATCATGACAA CGCTAAATTA TATACACACT TAnAgATAAA CAAGGCTATA TTGGTGCTGA 600  
 AGAATTACAA GTATTTTtag CAAATAAACC TGAAATTTAT ATCTGTGGTG GTACAAAATT 660  
 55 CTTACAaTCT ATGATCGAAG CACTTAAATC TTAAATTAC GATATGGATC GCGTACACTA 720

ATATGAACT TAATCAACGT TACGTAAAAG TATTTGCATT ATATTTTCGTA AGTATTGTTA 840  
 CTGCAAATAT TATTGTTAAA AATAATAATT TAATTAAAAC AtTGATACAA ACCATAGCCG 900  
 5 GGTACACGGT CTTTGCAGTT GGTTTGAAGT ATTTAACTAA ACGTAAAAAT AAATGACATC 960  
 TATACCAAAA CAGCTATGAC TTTACTTTGT CATGGCTGTT TTTTAATTGG GAGTAGGACA 1020  
 GAGATGATAT TTTCGCAAAA TTTATTTGGT CGTCCCACCA CAACATGCAT TGATGTATGC 1080  
 10 TCACTGAATT TCATAAGAAA GGAGTTCACA AGATGACCGT AGATATTGGA CGGATTTATG 1140  
 ACAATAAAGA TAATACCGAC GCTATTCGTA TCCTAGTCGA TAGAGTCTGG CCGAGAGGTA 1200  
 15 TTTCGAAAAG AACTGCTAAC CTAGATTATT GGTAAAAGA CATTGCCCTT TCTACTGAGT 1260  
 TGCGACAATG GTTCCAACAT GATCCTAAC TTTTGGAGC TTTTAAAGAA AAATATGAAA 1320  
 AAGAATTACG TGATCAGGAT GCGCAAAAAG ATGCTTTTGA AAAATTAAAG GATATTGTAA 1380  
 20 ATCAGCATAA TCATGTTCTA TTGTTATATG CAGCAAAAGA TACTAAACAT AACCAAGCTG 1440  
 TAGTACTACA GCAGTTGCTC AATACTTAGT TATATATGTT TATCGTGAAT CACTATAAAT 1500  
 GTCGCTAACT TCATTTCTAA TATTTATTTT TAAAAAGCAT AATTACTACA ATTAATTGGA 1560  
 25 ACTTTAATAA TTACTAAACT TGGAAACAATA TTTTACTTTA ACAAATAAA GTTTTAAA 1618

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 604:

30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 2115 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

35

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 604:

40 ATTATAATGC AAATATTGAA GCATTTAAAA CAGTCGCTAA AGCAGTAGGC AAAGAGAAAG 60  
 AAGGCGAGAA GCGTCTGGAA AAGCATGATA AAATATTAGC GGAGATTAGA AAGAAAATTG 120  
 AACAGAGTAC GTTAAAATCT GCATTTGCAT TCGGTATCTC AAGAGCAGGT ATGTTTATTA 180  
 45 ATAATGAAGA TACATTTATG GGACAATTCT TAATTAAAAT GGGTATTCAA CCTGAAGtca 240  
 mAAAArAmAA AACTACGCAT GTTGGTGAAC GCAAGGGTGG TCCTTATATA TATTTAAATA 300  
 ATGAAGAACT TGCCAATATC AATCCAAAAG TTATGATTTT AGCCACTGAC GGAAAAACGG 360  
 50 ACAAATAAG AACGAAATTC ATTGATCCTG CAGTTTGGAA ATCATTAATA GCTGTGAAAG 420  
 ATAACAAAGT TTATGACGTT GACCGAAATA AGTGGTTGAA ATCAAGGGGG ATTATCGCAA 480  
 55 GTGAAAGTAT GGCAGAAGAT TTAGAAAAAA TTGCAGAAAA AGCAAAATAA AAATACAGCG 540

TGTGATGATT TACCTGAAAG TTTATTTTCGA ATAAATTTAA TTACATAACC GACAAGGATT 660  
 GTTTTAACAG TTCTTTTAAT GAATTGGCGC ATCGTTACAT ACCTCATTTC TCTATATCTT 720  
 5 ACGAACTATA TACCCATTCA TATATGCTTT TTAAACGTCA TTGTCACAAT TTAATTTTAA 780  
 GCGAATATAA TATAACCATC TTTATCTGCT TTTTATAGTAA AAATGACAAA AATTGCATGT 840  
 ATTATTGaGA TGATGGTAGG GATACCTGTC CAGAAAAATA ATAAGTGAAA AAGACCTTGT 900  
 10 CCAAATTTAT CAGCATAAAA TTTATGaATA CCTAAACCTC CAAGAAATAA TGCAACmATA 960  
 ACATAAATGG CTTTATTGAC TTTCATTTGT AAtCCTCCTT AACTATAATT CTACTTAAAT 1020  
 15 TCGTTGTGAA AACCAATATT TCTAACTTTA GAATTTTCAA ACTTTCTAAA ATTATAAGTA 1080  
 TATCTTTTAA AAATAAGCTA GAATTTCTAT ATAATAAATG TTAATAACGT AAAAGGGAAT 1140  
 GATGACATAG TGATACGTCA AGCACGTCCA GAGGACCGAT TTGATATTGC GAAGTTAGTT 1200  
 20 TATATGGTTT GGGATGATAT GGAATTAGAA TTGGTAAAGC ATCTACCTAA AGACATGGTA 1260  
 TTAGATGCAA TTGAAAAAAG CTGTGTTGAT GCAACATATC GAACTTTTAA TCAGCATATT 1320  
 TTAGTTTATG AAGTAGAAAA TAAAGTAGCA GGTGTATTA TTAGCTATAG TGGTGAAAAT 1380  
 25 GAATTGAAAT ACGAAAAAGC ATGGGAACTA CTTGACTTGC CAGAAAAAAT AAAACAATAT 1440  
 GGCACGCCAT TACCTGTAAA AGAAGCTAAA GACGATGAGT ATTATATAGA AACCAATTGCG 1500  
 30 ACATTTGCAG CATATAGAGG TAGAGGCATC GCGACAAAGT TATTAACGTC ATTACTTGAA 1560  
 TCAAATACAC ATGTTAAATG GAGTTTGAAT TGCGATATTA ATAATGAAGC AGCATTAAAG 1620  
 TTATATAAAA AAGTAGGCTT TATATCTGAT GGACAGATTG AATTATACAA GCACATGTAT 1680  
 35 CATCATTTAA TTGTTAAATA AAATACTCGA CAGTTCGATG TAAGTCGATT GCCGAGTAGT 1740  
 ATCATTTTCT ATTAAATGCC TGCAAATAAT GCACTAATAT AAATACCTAA TGCATATAAT 1800  
 AAACCGAAAA ATGTATTTGT TTTACCAGCA GCAGCCATTG CTGGCATCAT TGTAGGCGGT 1860  
 40 GTATCATTCT TCTTGAAACG TCTGATAACT TTAACAGGCA TTGGGAATGA TAACAACGCA 1920  
 AGTAAGTAAA ATAATGAGCC ACCAGGTTTA ATAATGATCG TAAGTACAAT AAAGGCATAA 1980  
 45 GCGATAAAGT ACATGATTGC CATAAATGTT AAAGAAGCAT TTTACCTAA TAGAATGGGT 2040  
 AAAGTTTTGC GACCACTTGC TTTATCTTTG ACACGGTCGC GAATATTGTT AGCCATATTA 2100  
 ATTAAACCGA TAGTG 2115

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 605:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1003 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 55 (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 605:

5	TATGTCTCAA ACTCAAATTA ATCAAATGTT CCAGCAGAAA AACATGTCTA CTGAATTAAA	60
	ACGTCGTTAT GCACAACGTT TATTACAGTT TCCACATGTA CACAATAAAG AATACTTGAA	120
	ATCTTATGCT AAAAACCCTA AAGAACTAA AGATAGTTAT ATTTCTGGTT TTAAAGAGAA	180
10	TCAATTGATT AAAATAGAAG CGATTAAATC ATTGTTTGCA ATGGATAAAT CTCCATTAGA	240
	ACATGTTAAA CCTGCTACAA AACCAGACGC TTCTTGGGAT GAGATGAAAC AAAAAGCAGT	300
	TGAAATTGGT AAAGCTGATA CTACATCGAA TAAATTTGGT ATTAGAGATC AATACTGGAA	360
15	ATTAATTCAA GAAAGTAAGC GTAAAGTTAG ACGTGACTAC GAATTCAATG TTAATTCTCC	420
	AGAATTCCAA GATTTAGAAT TACTTGTAAG AACAAATGCGT GCTGCTGGTG CAGATGTTCA	480
20	ATATGTAAGT ATTCCATCAA ACGGTGTATG GTATGACCAC ATTGGTATCG ATAAAGAACG	540
	TCGTCAAGCA GTTTATAAAA AAATCCATTC TACTGTTGTA GATAATGGTG GTAAAATTTA	600
	CGATATGACT GATAAAGATT ATGAAAAATA TGTTATCAGT GATGCCGTAC ACATCGGTTG	660
25	GAAaGGTtGG GTTTATATGG ATGAGCmAAT TGCGAAACAT ATGAAAGGTG AACCACAACC	720
	TGAAGTAGAT AAACCTAAAA nTTAAAATAC AAATAGCACA TAACTCAACG ATTTTGATTG	780
	AGCGTATGTG CTATTTTTAT ATTTTAAATT TCATAGAATA GAATAGTAAT ATGTGCTTGG	840
30	ATATGTGGCA ATAATAAAAT AATTAATCAG ATAAaTAGTA TAAAATAACT TTCCCATCAG	900
	TCCAATTTGA CAGCGAAAAA AGACAGGTAA TAACTGATTA TAAATAATTC AGTATTCCTG	960
35	TCTTTGTTGT TATTCATAAT ATGTTCTGTT AACTTAATAT CTT	1003

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 606:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- |    |                             |
|----|-----------------------------|
| 40 | (A) LENGTH: 1097 base pairs |
|    | (B) TYPE: nucleic acid      |
|    | (C) STRANDEDNESS: double    |
|    | (D) TOPOLOGY: linear        |

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 606:

45	GCTnTTATAT TTAAAAAATT TATTnGCGGA TAATTACCTT TATTAAATCC CACCCATTAG	60
50	GAwTaCGAGT AATAGGACTA ATACTGGAAT CACATAATGT AACATAACGT CCCTCCTTTA	120
	ACTTAATTTT AATTGTAATC AAATTTGACA ATAAGTCAAA mCATTAAATAC CTATGATArG	180
55	TATCATTTAT TAACATATGT ATCATATTTT TAATCTTGCG TAATTTTTAT CGTTAACTAT	240

CTTTGTGCAT TTTAATTATG TTAAGATAAT AGTAGTTATA GAAGTTCAAT CTATAGGAGG 360  
 CATAGCATGG ATATTCCAAA AATCACGACA TTTTAAATGT TTAATAACCA AGCTGAAGAA 420  
 5 GCTGTAAAC TATACACAAG CTTATTTGAA GATAGTGAGA TTATAACAAT GGCTAAGTAT 480  
 GGTGAAAATG GACCTGGTGA TCCCGGGACT GTACAACACT CAATATTTAC ATTAAATGGA 540  
 10 CAAGTATTCA TGGCGATTGA TGCTAATAGT GGCACAGAAT TACCAATGAA TCCTGCGATT 600  
 TCATTATTTG TTACAGTAAA AGATACTATT GAAATGGAAC GACTATTTAA TGGATTAAAA 660  
 GATGAAGGTG CCATTTTAAT GCCAAAACG AATATGCCAC CATAAGAGA GTTTGCTTGG 720  
 15 GTTCAAGATA AGTTTGGAGT AAGTTTTCAA TTAGCATTAC CTGAGTAAAA GGATTCGCAC 780  
 AGCTTGGAAT GATAAGAAA CACTTTTTCT TATGCATGCG TTTTACCTAT GTATTTCTAT 840  
 TTTAAGTACA CATTAGCATT TTAGTTTCGC TCATTTTAA AATCACAAAG ATAATTTGTA 900  
 20 ACTTAAATGA TGATACGTTA TTTAAAAACA CGATACTTCG TTTCAATGAA CGCATTAAAT 960  
 AATAAATAAA CACCTCACCA TAAGAAAGGA CTACTTTCTT TTGTGAGGTG TTTatTTGTC 1020  
 25 GACAACTTGA TTATGATTGT TTCATTTTTT GAATAAGTTC ATAATCAGGT GTAGCATACA 1080  
 AAGTTTTTTG ATTGTCA 1097

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 607:

30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 2031 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

35

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 607:

40 GAGGTCTAGC ATGTCTCGTT CAAAAAATA CTTTACTTA TCTAGCTTAA TGATTATTTT 60  
 AAGCTTTTTT TTTAATACAA ATAACGTTTT CCTAAGTGGA CTTTTTAATT CTTTATTAA 120  
 ATTAATACTT TTCTGCAGTG TTATTAACCT AATTGTACTA ATTTTGTCTA TAATTTTGC 180  
 45 AGATCGTTCA ATTAAATCAC TAAAGCCTGA TGCAGATTGG ATTAGAATTG CGAGTAAAAG 240  
 TTTGCCTTGG aTTATTCTAA TTGTTATTTT AGTACATATC TTTTCAATTG TTCGTACATT 300  
 CGGTTTTATT TAAAAAGTT AATATGTCAT TGTAGCCTTA ATACAAAACA ATACAATGTA 360  
 50 TCATGCTATA ATGAGTAAAA CAATTTGATA ACGTTGTTGC GTATAAAAAA TATTAGATTT 420  
 TCGAAATCAT AACTATGCAT CTAATCGCTA TAGTTATACA ACAAGATATA ACATATAATG 480  
 55 AGGTTTGATA ATGCATCGAC AATTTTTGTC GTCGCGTTGC CAAAACCTCT TTTTAAATT 540

TTTAGGCGCT TTATTACGTT ACCTCATTTC TTTTCTGAAT ACTGACGGAG GTTTTCCAAT 560  
 CGGAACACTG ATAGCCAATT TGA CTGGTGC CTTTGTAATG GGATTGCTAA CAGCCTTAAC 720  
 5 AATTGCATTT TTTTCAAACC ATCCGACCCT AAAAAAAGCT ATTACGACTG GTTTTCTTGG 780  
 TGCTTTAACG ACTTTTTC AA CATTTC AATT AGAATTAATA CATATGTTTG ATCATCAACA 840  
 10 ATTTATAACT TTACTACTAT ATGCTGTAAC AAGTTATGTC TTTGGTATTT TGTTATGTTA 900  
 CGTCGGTATA AACTAGGTG GTGGTTTATC ATGATATCAA TCATTTTAGT CATGATTGGC 960  
 GGCGGTTTTG GCGCAATTGC TAGAAGTGCC ATTACTGATT ATTTTAATCA TAAATTTACT 1020  
 15 TCAAAGTTAC CTATCGCAAC ATTGATAGTA AATCTAGTTG GTAGTTTTTT AATTGGATTA 1080  
 ACTATAGGCT TATCAATTC AATCTCATGG TTCCCTGCGT TCTTTGTTAC CGGTTTTTTA 1140  
 GGTGGCTTAA CAACTTTCTC AACGTTAGCC AAAGAACTTA CACTAATGAT GACGCCAAAA 1200  
 20 TTTAATATTA ACCTTTTTCT CAATTATTCA CTTTACAAT TCATCATTGG ATTTATAGCT 1260  
 TGTTATATTG GCTATCATAT TAAAAATAA AATGCTTCAT TCAGCAAATA GGTAATTAC 1320  
 GACACCTTCC TGAACGAAGC ATTTTTTAAT TTTCATGCAA ATTTTAAAGC ACCATATAAT 1380  
 25 GCCTACCAAA TTTCAATAAT CTTTGTTGCC GTTTAAATAA TGTGAATGTC AATAAATTCT 1440  
 CCAAAGTAGT CGAAAATAAA GGGAGTGGGA CATAAATCCC TAAAAAACA GCAGTAAGAT 1500  
 30 AATTTTCAAT TAGAAAATAT CTTACTGCTG TTCTCTATTT ATACAATACT TCGTATTGAA 1560  
 TGGCTTCGCT TTCCTAGGGT GCCGTCTCAG CCTCGGCTTC GACTGGCACT GCTCCCTCAG 1620  
 GAGTCTCGCC ATTAATACTA CGTATTACA TGTAATTTTA CTTTACATA CTTTAAAAAA 1680  
 35 TAAGACACTT TGCCCAACTT AACTACCAA TAGAAACCTC TGTTAGAATT CCTCAAATG 1740  
 ATATTTTCGCG ATATGTTAAT GAAATTGTTG AAACGATACC TGATAGCGAA TTCGATGAAT 1800  
 TCAGACATCA TCGTGGCGCA ACATCCTATC ATCCAAAAAT GATGTAAAA ATCATCTTAT 1860  
 40 ATGCATATAC TCAATCTGTA TTTTCTGGTC GAAGAATAGA GAAATTACTT CATGACAGTA 1920  
 TTCGAATGAT GTGGTTAGCT CAAATCAAA CACCTTCTTA TAAACTATT AATCGTTTTA 1980  
 45 GAGTGAATCC TAATACTGAT GCGTTAATTG AATCTTTATT TATTCAGTTC C 2031

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 608:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 50 (A) LENGTH: 687 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

55



TCCCCGGGAA TCGAACCCGC GAnTCCTGC GTGACATGCA GGCGTGTTAA CCGCTACACT 60  
 ACGAGACCTA TTAnATTAAA AACTATGTAT TGCGGGAGGC GGATTGTGAAC CACCGACCTT 120  
 5 CGGGTTATGA GCCCGACGAG CTACCGAACT GCTCCATCCC GCGCTAATAT TATTTTGAAT 180  
 TACCTAATTA ATATACCATA ATCAAAAACC TAAAGTsrrG AACTTTTTTGA ATTTAATTTA 240  
 AATGTTATCT CTTAAATAAT TACTTAAATA TCGTAGCAAC ATGTTCTCTG TTGAACACAA 300  
 10 ATATTAGTAT ATTCATTTTT GTAGTGACG TCAACGACAT TTTCAAAGTT TTTTGTGTAA 360  
 AAAAACGCTT CTTATTCCTT TTTATCATAT AAGTGTCTAA TAGTTGTCAT AAATAGTGkT 420  
 15 AAAGCATTTA AAAAGGTATA GGAGTTATAA AGTTTACAAC GCCTATACCT TCTGAAAAAG 480  
 AAATTATAAA AGCTTGTTAC ACCGCATATT CTTTCAGTCA GCGACTACCA ATATAACATT 540  
 GTAGCCCTAA GACATTGCTT GACGCCTCAn TTACAACAAT TTTTCAAAT CAGCAGCTAC 600  
 20 CTACTGACAC AACATAACAC AACCCnTACA CTAnCTATCG TGTCATGTAA TCTTGCATCC 660  
 GATCTTGCAA CGCTGTAAAT GTTTCGA 687

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 609:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 843 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 609:

35 GTGTTGAATA CTTTGACAAA ATGAAATCAT TTGTTCTTTC GTTTCAAATT TAACTGTTTG 60  
 AATTAAATCA GTTCGTTTTT CGTAGTACTT CGGCGTTGTG TTCATATTCA TTTTTTCTAA 120  
 40 AAATAAACTA GTAAACAATG CACCTTTAAG ACTCTGACTG ACAACGTGTG GTGCTAAAAA 180  
 GAAACCTTGA TACATTTCAA GCAATGCATT TAATGATGCA CCCGCTTCTT TACCAATACC 240  
 AGGTGCTGTC AATCTATAAC CACATCGTTC AATTAAATCT TTTCTACCAG CAATGTATCC 300  
 45 ACCAATCTTA GCTAAACCAC CGCCAGGGTT TTTAATTAAT GATCCTGCTA TTAAATCGGC 360  
 ACCACATTCT ATAGGTTTAC GTCTTTCAAC AAATTCCCCA TAACAGTTAT CCACAAATAT 420  
 TAAAATATTA GGATGCACGT TTTTCAACCT AGTAATTACC TTTTCAATTT CATCTAGCGG 480  
 50 AATTGAAGGT CTTTGATCAT AGCCTTTCGA ACGTTGAATC GCTATTACTT TGGTGCGCTC 540  
 AGAAACCCCa TCTAACACAC TTTCAATATC GATCTTACCT TCTTTAAGTG CAATATCTTT 600  
 55 ATACGATmCG CCATGCTCCA TTAAACTTTC AATACCATTT CCGTTTACGC CAATGACTTC 660

ACTTTGTAAT GCAATAGTAA TCGCATGCGT ACCTGAAATA ATTTGCGGAC GAACAATTGC 780  
 ATCTTCTGCT TTAAATGCCT GCGCATATAT TTCTTAATTG AACGAATTTA GAACTAATCG 840  
 5 TAA 843

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 610:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 775 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 610:

GATTATTATA AACCGAATGA AACAAAAAG TTTTACATA TTTCAACAA CTTTATTTC 60  
 20 ATAAAGCATC AAGTTGATCT AAAGTTTGAT TCATACCTTG TTCAACACCC ATGTTTATGA 120  
 CTTGTTGAGC GGCTTCTTTT GTTGGAATA CCGATGTTGA TGTCACCTGC GTTTTCGTTG 180  
 TATTGCTCTT GGAAATGAC AAAGTAATTT TCATGCTTGG CATTTTTGTA TCTTTTGCAC 240  
 25 CTTGAGGTGT CGCAAATGAG TCAATATATT CAATTAAATA TGGACGCTTA ACCGTTTTAT 300  
 ATTCTGCTAA TGTATAGCTG GTCATTGTAG GTGTTTTAAT CGCATAAAAT GCATCACCGC 360  
 CTGAAACAGC ATTAAAGCGA AACACTTTGG TACTAGCGTC TTTTGGAAGA AACCATTTTT 420  
 CAAATAATGC TTTKGTCTGA TAGGCATCAA ACACCTTTTC AATCGGTGCT TCTATCGTTC 480  
 TTGAAAAAAT AATTTTATTA TCTTCAACTT TAATCGTCAT CTTCCCACTC CCTATCTTTT 540  
 35 ATATTTACTC ATCTTAACAT GCATTGAGTA ACATATGTTA CCAAATCATT TGTTATAAAC 600  
 TATAGTAATA TTAATCATTC CCTCTGTnGA AATTGATAAC TACGAAATAA AAAACACACT 660  
 CTATTCAGCT ATTAACAGTT GAGTAGAGTG TGCAAACCTG TTGAATTAAT GCGCTAACAT 720  
 40 TTCTTCTTTG ATTTGGTCTT nATnTAATTT TGAAGGATAA TATGTTGGCC AGTTA 775

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 611:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 728 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 611:

ATCAAAATTT GATACTAAAG GGCTCACGCT ATTTTATGTA TTTATTGGAT TGATTATGTT 60  
 55

TGTGGCAATG TGTTTATTTA AAGTAGAAAA ACATGTTTCT TCACCATTTT TACCTGTGGT 180  
 TGAATTTAAT CGTTCGATTA CTTTAGTTTT TATAACTGAC CTTCTAACAG CTATTTGTTT 240  
 5 AATGGGATTC AATTATATA TTCCAGTCTA CCTTCAAGAA CAACTAGGAT TATCTCCATT 300  
 GCAAAGTGA TTGGTTATTT TTCCTTTATC TGTAGCTTGG ATTACATTGA ATTTTAATTT 360  
 10 ACaTCGAATT GAAGCAAAAC TATCAAGGAA AGTTATTTAC TTACTATCAT TTACATTGCT 420  
 ACTAGTAAGT AGTATTATCA TTTCATTTGG TATTAAATTG CCGGTACTTA TAGCATTGTG 480  
 GTTAATTTTG GCAGGATTAA GTTTTGGATA TATTTATACG AAAGATAGTG TGATTGTCCA 540  
 15 AGAGGAAACT AGCCCATTAC AAATGAAGAA AATGATGTCA TTTTATGGAT TAACTAAAAA 600  
 TCTTGGGGCA TCAATAGGTT CAACAATAAT GGGATATCTT TATGCGATAC AATCAGGAAT 660  
 CTTTGGTCCA AACTTACACA nTGtGTTAAG TGCTGTTGCT GTAATTAGCA TGGGCTTATn 720  
 20 GTTTTATG 728

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 612:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 913 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 612:

TATCAGAGCA AATAAGCAAG TTAGATAAAA AGATTTCTGA CTTACAATTA ATTAGACGCT 60  
 35 CTGTATGTGA ATTTATTAAA GGACTCTCTC TAATAGATAC CAGCATTTTA AACAAGACAC 120  
 TACAGTCACA ATATGATAAA GAAGCATCTA TAAATATGG TCATACGAAA GCATATCAnT 180  
 40 CATTATTAG ACGTAAAGAC AGCTTACAAT CGCAGGATAT CAGACATAAA TTGACAACTA 240  
 TCTTCAATAA ATTTAATCAT ATGTCTTTGA GTCATTATCC AATCCAAGAT TGTAGTGATC 300  
 TCGTATTTGA GTGGAAGGCA TTTATGAACA CTATCGCTGA TTTTGmTGAT GAAACATTAT 360  
 45 GCTGTATTGC TAAACATAT GAAGATGATA CGCGTTTCAA AGATTACTTT AATTCATATG 420  
 ATAATCAAAA TTAGCATCA TACATTCAG AAGCTGTAA TTATTTTTTG AGCAATGTGA 480  
 ATAAGAGCGA CAATTTTTAA TCCTCATACA GATGCTACAA CACTGAATAC ACCAACTAAA 540  
 50 ATAATTGTTT AAAGTAGAAA ACTAATCATT TATTCTCTAA ATCAATAACT ATATTAAAAG 600  
 TTATACCTTT GCAAAGCGAA TTAGTATAGG TTACCGAAAG GAGAAAGGAT TAGGTTCCAT 660  
 55 TCGATTTATA AAAAAATATA TTTCGAAACA TACAAAAGCG CCAGAAGATA ATCATTCCT 720

TCAATGCATA TTCAACTAGC TCAGGTTTAC TCTTTAAGCC AAGCTTTGTC ATAATATGCG 840  
 TCTTATGTGC TTCTACTGTT TTCACAGATA CAAATAATTT CTCTGCAATT tCTTTATTCC 900  
 5 CGTAACCTTT GGC 913

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 613:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 654 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 613:

ACAAGTGTTG ATGTCATAGT AGCGTCAAWT GTGCTTTATT TCTGGGACAC ATTTAAATTT 60  
 20 TTCCACCCCA TTAAGTGGAG CTTAATCTTT ATTACAATTT TACTATTATT AAACATTTT 120  
 TCTGTAAAT CATTGAGAGA AACTGAGTTT TGGTTATCAT TGATTAAAGT GTTAACAATT 180  
 ATCGTATTCG TTATTTTGG CTTTTTAATG ATTTTCGGTA TCTTAGGTGG TCATACATAT 240  
 25 GGATTTGAAA ACTATACAAA AGGCCAAGCA CCGTTTGTG GTGGTATCTC TGGTTTCTTA 300  
 GCGTATTAT TAGTCGCCGG ATTTTCGGTT GGTGGTACAG AAGTAGTAGC AGTAACTGCT 360  
 30 GGTGAATCAG ATGACCCTAA AAAGTCTATG CCTAAGGCAA TTAAACAAGT ATTTTGGCGT 420  
 ATTCTTTTAT TCTATGTCTT ATCAATTGCA GTAATTGGTG CAATTATTCC GTACACAGAT 480  
 CCATCATTAT TAAGAGCAAG TAGTTCAATA AGTCAAAGCC CATTACAAT TGTATTCGAT 540  
 35 AGAGLAGCA TAGCCTTTGC AGCATCAGTA ATCAACGCGG TTATTTTAAC TTCATTATTA 600  
 TCCGCTGCAA ATTCAGGTGT TTATACAACA GGCAGAATGT TGTATTCCTT AAGT 654

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 614:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 642 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 614:

TCGATCTTTA TTGATAATAA TTAAATTGTC GCCTTTAAAA TGTGATATTA ATCCTGCGGC 60  
 50 AGGnTGTTACA ACGAGTGATG AACCTAGTAC AACAGGGTG TCAGCATGTT CAATTTTATT 120  
 TAATGCCCTT ATGATGGTAG GTTGATCTAA CATTTCACCG TATAATACGA TGTCCGGTCG 180  
 55

ATAAGATTTA TGACATACAT TACAATAAAA ACGATTTAAC GTGCCATGTA ATTCATCAAC 300  
 ATGTTGACTT CCAGCGTCTG AGTGCAAACC ATCGATATTT TCGTGATGA CACCTAAAGA 360  
 5 TTGTTGATTA CGTTCTAATT TTGCAATCCA ATCATGAACG ATATTGGGCA TCGTATCGAC 420  
 AAATAGTAAG CGCTTATGGC AGAAATTGAT AAAACCTTCA GGATCATCTT CTAAATAATC 480  
 10 ACGGCTTAAC AAGTATTCTG GCGAAAGCCC ATCTTTTGaA ATTCATCAA ATAAGCCACC 540  
 CATTGaACGG AAATCTGGAA CGCCACTTGC GACAGATACA CCAGCACCTG TAAAAAATGT 600  
 AATACGATTC GAACTATCTA TAATATGTTT TAGTGTCTCT AA 642

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 615:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1210 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 615:

TTTCCCCnCC CCnCCAAATA TCCAAnGGAA CTTTAATAGT CCAATTGGCA CAGTAAAACT 60  
 ATGGCATT TT ATAAGTATAA TATATCTGTA ATTTATGGTC AATTAGTAAA TTGTTTTTTA 120  
 30 TTGAAACAT ATTTACATc AAAATCACAA AGACTTTTAG ATTTTGtTCT AAAAATCTCT 180  
 TAATAATT TA TTAATGAGA AGAGTTGCTT ATATAGTAAA TTGTGAAGCC GTTAAACAA 240  
 CGTTACAAAA CCTATATCTT TAATACGGAA CCATATGGTA TGAATCAAGG AATACTTAAA 300  
 35 CTAAAACTTC TCTATCAGAT TTATTTGTTG CGAAATCAAC AACTTTAATT GCTTGCCCTT 360  
 CATTTAATGG ATAATTGCT TGCgTAATT TAACTTTTAC AATTGACCT ATGAGTGATT 420  
 CGTCACCTTC AAATTGTACT TTCATATAAT TATCTGCATA TCCAATAAT GTACCTTCTG 480  
 40 TGtCACCCCTG TTCCTCAGGA ATTACTTCAA GCACATCTTG ATCAAATTA GACGCATATA 540  
 ACTTTCCGAG TTGATTGCTT AGCGTAATTA ACTTATGCAC CCGTTCATTT TTAATTTCTT 600  
 45 CATCAATTTG GTCATCCATT CTTGCAGCTG GCGTGCCAAT TCTAGGAGAA TAAGGGAAAA 660  
 CATGCAGTTC AGAGAACTTA TGCTTTACGA TAAATCATA TGTTTCTTGG AACTCAGCTT 720  
 CAGTTTCACC TGGGAAACCA ACAATTACAT CACTCGTAay TGCCAAGTCT GGTAAGCTT 780  
 50 TATGCAATTT TGTTAATCGT TCTGAAAATC TATCCATTGT AACTTACGT CTCATACGTT 840  
 TTAATACTGT ATCTGAACCA GATTGTAATG GAATATGCAA ATGACGCACA ACTTTTGTG 900  
 AACGTTCTAA AACGTCAATT ACTTCATCTG TAAGTTGACT TGCTTCAATT GAAGAAATTC 960  
 55

CTTTTAAATC TTGACCATAT CCACCTGTAT GAATTCCTCGT CAATACAATT TCCTTATATC 1080  
 CTGAATTCAC TAGTTGCGTC GCTTGTTCAA CTACTTTTTTC CGGATCTCTT GAACGCATTA 1140  
 5 AGCCACGAGC CCATGGAATA ATACAGAATG TGCAGAAGTT GTTACAACCT TCTTGAATTT 1200  
 TTAATGACGC 1210

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 616:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 652 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 616:

20 TAATAAAATA CAATACTTTT CAATACAGAG AATCCCGCAA TGTCGGGATT CTTATTTATG 60  
 CTGATTTTGT TTTTGTCTAT GATCAGGGAC TTtCAGGGAC TCAATTAATT ATCACATTCA 120  
 TATTTTCTTA TGACCAAATT GATACATATG ATGCTATTTA ATGAGAAAAT TAGGCATCAC 180  
 25 TTGGTTATTG AATTCCTTC ATTAACTTT CCAGCTCAAT TTAATAGTTA GTCGACTATT 240  
 ATTCATTAAA CACTTTTTTA TCATAAAAAA GTGTTTTTTGa TAATTCACTa CCaAAAACAC 300  
 CTTCTTACTT ATAATTCTAT TTGTTACCA TTTCTAATCT TATCGGCTAA ATCATTCACT 360  
 TTTCTTAATC GGTGATTTAC ACCTGATTTT GAAATTGGAC CAGTTGATAC CATTCTCTCA 420  
 AGCTCTTTCA ACGAAATTTT TTGATGTTCT ACTCGAATTC TAGCAATCTC TCTCAACCTG 480  
 35 TCTGGTAAAT TTTCAATACC AATTTCTTTA TCAATCAATT TAATGCTCTC AACTTGTTTC 540  
 ATCGCAGCAC TAACTGTTTT ATTTAGATTG GcCGTTTCAC AATTAACGAG TCGGTTAACA 600  
 GAATTACGCA TATCTCTTAC AATACGTACG TCTTCAAATT TTAATAACGC TT 652  
 40

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 617:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 798 base pairs  
 45 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 617:

50 TnACCACTTT AAAATAGCGC TTAATAAAAtG AAGGGGGCAA GTCTTATGAC GtTTTACaAT 60  
 TTCATCaTGG GTTTTCAAAA TGtTAACACA CCATTTGGTA TATTGGCCGa ACACGTTAGT 120  
 55



TCTAATTACA CAGATCATCA ATTAATTGAA ACTACAAATA GAGCTATTAG CTTATATATG 240  
 GCAAATTAAT TTGAGTAGTA CCAATTATGA TGTATTAGTG CATCCCAAAT ATCTTTTGTT 300  
 5 TTAAAGTTTA TTTCATCATT TCTTATCGAA AATGGTGTA TAATGTCTTT ATCTAACCAA 360  
 GTGTTGATAA GTTCATTGTTG TACACCATCT AACAACATTT CACTTTTACT AATTATAAAA 420  
 CATTCCCAGT CAAGTGAAAC ATTTTGTGGA TTCACATAAT TACATTGATT ATGATTATCC 480  
 10 ATAAACACTC ACTCCTTTAA AATTCTGTAC TCTTCATTGC GTTTTACCCC GTCACATTAT 540  
 CTTTTAAACT AAAATCATCA TTACTTATGA AAAAAATGTA CATCAAAAGC AAAGGTTTTTC 600  
 15 GCTACCGAAA AAGTTTAAAT AATGGTtAA TATATtGGT ACTCATTTTA ATAAAAAGAG 660  
 AATACATTTT GAGCTATCAA TACTTTTTAT TGAAGAGGTG TTATTsyTGG CTAAAACGTT 720  
 ATATTTAATG CGCCACGGAC AACTTTGTT TAATTTTAAG GGACTAATTc AGGGATTGTTG 780  
 20 AGATTCGCCG CTAACAGA 798

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 618:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 25 (A) LENGTH: 1786 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

30

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 618:

ATACGCTCAA TTGATAAAAA TTTAATATCT GCCATTTGTA TACGCATCGC TTCGAATGTT 60  
 35 TCCGTTGCAA TATCAAATGA TAATTGTGAC TGGAACCTTA AACATCGAAT CATACGTAAA 120  
 GCATCTTCTT GGAATCGTTC CTCAGCTATA CCTACAGTTC TTATTATTCTG ATTATTAATA 180  
 TCTTGTTGAC CATCAAAATA ATCATACAAT TTGTATGCTG TATCCATTGC TATCGCATTTC 240  
 40 ATCGTGAAAT CTCGTCGTTG CAAATCTTCG TATAAATCAC GAACAAATGT AACACCACTT 300  
 GGTCTACGGT GATCGACATA ATCTTCTTCA GCCCGBAATG TTGTCACTTC ATAATTTtCA 360  
 45 TCATtAAAAa CTACATTtAT CGTGCCAtGT yCTTnACCTA CAGGTATCGT ATGACTAAAG 420  
 ATAGATTCTA TTTCATCCGG CGTTGCACTT GTTGTGATAT CTATATCATG AATATTTCTT 480  
 CCCATGACAT AATCTCTTAC AGAGCCACCT ACATAATATG CTTCAAAACC ATTGTCTTGA 540  
 50 ATTTGTTCTA ATATAGGCCT TGCCTGTTCA AATAATGATT TATCCATATT ATTACTCGCC 600  
 TTTACTTTTG TTATGCTCAT TTAGCATTTT TTGATAATAA TACTCATATT GATCTGTAAT 660  
 AAGTTCTGAT CCAAAACGTT CAGCAATATC TGCTAGCATG TTTTCTGAA GTTTGTTGTA 720

55

	ATCTACGACA AATCCAGTTT CACCATGTTT AATAACCTCT TTAATTCCAC CGGCATTTGA	840
	ACCAATTGGA ACGACGCCTG TwTTCATAGC CTCAAGTAAA GTTAGTCCAA AGCTTTCTTT	900
5	TTCACCTAAT AATAATACTA AGTCAGATAA TTGGTAAAAT TCACTTACGC AATCTTGTTT	960
	CCCTAAAAAT AAAACATCCT CTTCTACGTT TAACTCTTTC GTCAATTGAC GCATTGGCAC	1020
10	TAATTCAGGA CCATCTCCAA GTAAAATTAA TTTACTAGGT ATCTTTTCAC GTACTTTTGC	1080
	AAATGTTTCT ATAATAGTAT CTATGCGTTT TACTTGTCTA AAATTCGATA CATGTATTAA	1140
	CACTTTTTCA TCTGGTGCTA TACCAAATTG TGATTTTAAT GCTGTGTTAT GTTTAGTTGG	1200
15	AAACTCATT TCAAGTACAA AATTATAAAT CGGTATAATT TCTTTGTTAG TTTCAATAAT	1260
	TTCAATGTGT TCTTGTGCTA AAGATTTACT CACACTTGTC ACAATATCAC TTTTTTCAAT	1320
	GCCAAATTTA ATTGCACCTT GGAGTGAATG ATCATAGCCC AAAACAGTAA TATCAGTACC	1380
20	GTGTAGCGTT GTCATAATTT TTATATCTTT ACCTGACATC TCACGAGCTA AAATCCCACA	1440
	AATTGCATGA GGTACAGCAT AGTGCATATG CAACAAATCA AGATCATATT CTTTAATAAC	1500
25	TTCAGCGATT TTAGTACTTA ACGTAATATC ATACGGTGGA TACTGAAATA CTGCATATTG	1560
	ATTCACCTCA ACTTGATGAA AAATCATATT CGGTAATGGT TTTCTTATTC TAAACGGGAT	1620
	ATTTGAAGTG ATAAAATGTA cTTCGTGACC TCGCTCTGCT AATTTAATTC CTAATTCTGT	1680
30	GGCAATAATT CCAGAACCAC CCATGGACGG GTAACATGTT ATACCTATCn TCATTGCTT	1740
	GCCCATCCTT TCTTTCTATT TCTCnCTATG ATnCTCGATG CGTAGA	1786

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 619:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 844 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 40 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 619:

45	ACAGGTATGG ACTTnGCTCA AATGACACGA CATTATTTAT CAAGACCTAT TGCTATAATC	60
	TTTTGGATCA TTGCAGAACT AGCAATTATC GCTACAGATA TTGCTGAGGT TATTGGTAGT	120
	GCTATTGCTC TTAATCTCCT ATTTAACATA CCTTTAATCG TCGGTGCACT AATAACTGTA	180
50	CTTGATGTAT TTTTACTACT TTTTATAATG AAATATGGTT TTAGAAAAAT TGAAGCTATT	240
	GTTGGTACAT TAATTTTCAC AGTGTTATTC ATCTTTATAT TTGAAGTCTA TATTTTCATCA	300
55	CCACAGTTGA ATGCTGTGTT AAATGGATTT ATACCACATA GTGAAATCAT TACAAATAAC	360

TTACATTTCAT CAATTGTACA ATCTAGAACA TACTCAAGAC ATAACAATGA AGAAAAAGCG 480  
 CAAGGaTTAA ATTTGCTACG ATAGATTTCGA ACATTTCAGTT ATCAATCGCA TTTGTAGTCA 540  
 5 ATTGCTTATT ATTAGTGtTA GGAGCATCAC TATTTTkCAA CTCAAATGCT GACGATTTAG 600  
 GTGGTTTCTA TGATTTATAT CACGCCTTAA AAActGAACC TGTACTAGGT GCAACAATGG 660  
 GTGCAATCAT GAGTACATTA TTTGCAGTTG CATTATTAGC GTCAGGTCAA AATTCAACGA 720  
 10 TTACTGGTAC TTTAGCAGGA CAAATTGTAA TGGAAGGATT TTTAAGATTA CACATACCAA 780  
 ATTGGTTAAG ACGTTTAATT ACACGTTCTC TTGCTGTCAT TCCTGTTATC GTATGCTTAA 840  
 15 TCAT 844

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 620:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

20 (A) LENGTH: 574 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

25

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 620:

TGTATTGCAG TCATGCCATA AATTTTTTTGA ATAATAAACG GAGACGCAGA AATATAAGTA 60  
 30 AATAATATTA CAAATGTCAT ACCTTGGAAT GAGCATTGGT AATACAAAAC GTGGCGTCTT 120  
 CAnTAATATT TTGAAGTTTT TAAACATTGT CTTTAaTCCA CTACTTGACT CACGATTTGT 180  
 CACTGTTAAT GATTCAGGTA CTTTTAATAA AGAACCTATG ACCATGACGA AGCCAAAGAT 240  
 35 AGTCAGAATG ACAAGACCA TACGCCAGAC AGAATAATTT AAAATTATGC CCCCTATTGT 300  
 TGGCGCAACA ACTGGTGCAA TACCATTAAC AAGCATCAAT AATGCCATAA ACTTAGTTAG 360  
 TTCATTACCA CTATACATAT CACTTGCTAT AGCTCTTGAA ATAActGCTG tGCGCCACCT 420  
 40 GTCACTCCTT GAAGaAATCT TAATGCAACC ATCAGCCAAA TATTATGTAC AAAACAATA 480  
 CCTAAACTTG CTAATGTAAA AATAATCATA GCTATAATAA GCGGCTTTCT GCGCCCAGTT 540  
 45 GAATCTGAAA TTGGACnAGC AACCAAATTA CCAA 574

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 621:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

50 (A) LENGTH: 523 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

55

AAGCAAGAGA GAGTACAACA TTTATATGAT ATTAAAGACT TACATCGATA CTA<sup>5</sup>CTCATCA 60  
 GAAAGTTTTG AATTCAGTAA TATTAGTGGT AAGGTTGAAA ATTATAACGG TTCTAACGTT 120  
 GTACGCTTTA ACCAAGAAAA TCAAAATCAC CAATTATTCT TATTAGGTAA AGATAAAGAG 180  
 AAATATAAAG AAGGCATTGA AGGCAAAGAT GTCTTTGTGG TAAAAGAATT AATTGATCCA 240  
 AACGGTAGAT TATCTACTGT TGGTGGTGTG ACTAAGAAAA ATAACAAATC TTCTGAAACT 300  
 AATACACATT TATTTGTTAA TAAAGTGTAT GCGGAAATT TAGATGCATC AATTGACTCA 360  
 TTTTCAATTA ATAAAGAAGA AGTTTCACTG AAAGAACTTG aTTTCAAAAT TAGACAACAT 420  
 TTAGTTAAAA ATTATGGTTT ATATAAAGGT ACGACTAAAT ACGGTAAGaT CACTATCAAT 480  
 TTGAAAGATG GAGAAAAGCA AGAAATTGAT TTAGGTGATA AAT 523

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 622:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1871 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 622:

AGAAGTGTGA nAAAAATTTA AnAGAGATAT GCACATAGAT GACGCATTGC TATATCCAAG 60  
 CAATTGAGAA AGCTGCTGAT GCTCCAAATC aCGGAATGAG GGAACCATGG AGAGTTGTGC 120  
 ATGTTCCGAA AGACAGATTA GGAGATATGA GTAAGGATAT TTCTAAATTT GCATTTCTTA 180  
 ATGAATTAGA TAAGCAACAA TGTCATTATG ATGCAGTTAC GAACTAGGT GGCATGTTAT 240  
 TGCTTATTTT AAAACAGAT CCAAGACAAC GTCAAAATGA TGAAACTAC TTTGCATTTG 300  
 tGCATATGCA CAAAATCTTA TGTTGTTACT TTATGAAGCG GGAATAGGTA CATGTTGGAA 360  
 aTCGCCATTA TATATCTATG ATCCTAAAGT AAGnAAACAC TTGGTATAAA GnAAGATGAA 420  
 GTTCTTGCTG GATTCTTATA TTTAACGGAT TTAGAAGnAG ATATGCCTAA AGCACCACGT 480  
 AAAAATAGAA ACTTAATTAC ATTATATTAA TATGTATAAT TATAGAAACA TTAATAAAAG 540  
 CTGAGTCATG AATTGATGGA CATCTATCGA GTTAGAGATT TAATCTAACT TACTAGAGTC 600  
 GGTACAATAA CAGTCTCAGC TTTTATTGT GCAGTATATA CACATTTTTA TTTTAGTATT 660  
 TATTtAAAAG TTtCTGCTaA AAATGATTCA ACTTGTTTCA GTGACTTAGC ATTTGCTGAA 720  
 TGAAGGTGTG CAATTTTATC GCCGTTTTTA AATACTAGCA AGCTAGGGAT ACCCATAACT 780  
 TCATTTTCAA CAACTACATC TTCTAATTCA TCACGATTAA CAGTATACCA TTGGTAATCA 840

CCTGCCTCAA ATTTAACAAT TACAGGTGTA TCGCTATTAA TTACAGATTT AAATGATTCA 960  
 TTACTTTTGA TTGATTGCAT TGTAACAACT CCTCTAGATA GTTTAATAAT TTTTATTATA 1020  
 5 GCTAAATTTA TATCATAATA AAAAATTTTA GCTTCAAAT GAAAGCCTTT TGCTTTGGAA 1080  
 AATGATATAT TTATTTTAAA TACATAAAGG AGGTTGCAGT CGTATGATTA AATTTTACCA 1140  
 10 ATATAAGAAT TGTACAACTT GTAAAAAGGC AGCAAAGTTT TTAGATGAAT aTGGCGTAAG 1200  
 TTATGAACCA ATTGATATCG TTCAACATAC ACCTACAATA AATGAATTTA AAACAATAAT 1260  
 TGCAAATACA GCGGTAGAAA TTAATAAATT GTTTAATACA CACGGCGCGA AATATCGTGA 1320  
 15 GCTTGATTTG AAAAATAAAT TACAACTTT ATCAGATGAT GAAAAGTTAG AGTTGTTATC 1380  
 ATCTGATGGT ATGTTAGTAA AGCGTCCTCT AGCAGTAATG GGCGATAAGA TAACATTAGG 1440  
 ATTTAAAGAA GATCAATATA AAGAGACTTG GTTAGCGTAA GTGaAATGTA AGCGTTTACT 1500  
 20 AAATATCTCG ATATTTAGAT TCATTACATG TAAATGAAA TAAGCTATAC AATTGTTAAT 1560  
 TTTTATAAAT ATAGTTGAAT AGCATCTAGC CTTATGGCAT CATTAAATGAT GTAAAGATTA 1620  
 25 ATTAGGAGGG GATTCTCTTG GCAGTACCAA ATGAAYTGAA ATATTCAAAA GAGCATGAAT 1680  
 GGGTTAAAGT TGAAGGTAAT GTAGCAATAA TTGGAATCAC AGAATACGCA CAAAGCGAGT 1740  
 TAGGTGATAT TGTTTTCGTT GAATTACCAG AAACAGATGA TGAAATTAAT GAAGGGGATA 1800  
 30 CGTTTGGTAG CGTAGAATCA GTTAAACTG TATCAGAATT ATATGCACCA ATCTCTGGTA 1860  
 AAGTAGTTnA A 1871

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 623:

- 35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 451 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 40 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 623:

45 TTGCTGTAGA AGATAAAGAG TCCCATCAAT GGATAGGCTT TATAGGTTTG AATTATATTC 60  
 CAGAAACAAG CGATTATCCA TTAAAGAAT TACCGCTTTA TGAAATAGGT TGGCGCTTGT 120  
 TGCCAGAATT TTGGGGAAAA GGATTAGCAA CTGAAGGCGC AAAGGCAACA TTGAAGTTAG 180  
 50 CAGAAGAACA TCAAATATAC GATGTCTATA GTTTTACAGC AGAAGCAAAT AAAGCTTCAC 240  
 AACGTGTAAT GGAAAAAATT GGCATGACAG TGTATGATCA TTTCGAATTA CCCAATCTAA 300  
 55 GTAAGTATCA TTTATTaAAA AGGcAAGTGC GCTATTACAT TAATCTTCcG AAAGTGGA 360

ATTAgGGGGT GcTTnGTkTn ATTTTTTTAA n

451

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 624:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 665 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 624:

15	CGATAGTTAT CTAAAGCCAT TTnGATTGT GTTATGAAAT CTAATGATGC GTGATAATTT	60
	AATGCrACAT AACGrTaATA TAAATATCA ATAGTGAACA TTTGAGCAAA TAATGAAGTT	120
	GTTGCTCCCA TATGCATCTC ATTTTCATCA GTTTTCCCAT AAGTTAAAAC AATATTTGAT	180
20	GCCTGTGCTA CGGGATTATC CCTTGTAATA GTAATTGTAA TTATAGGTAT ATGGTAGTCA	240
	TCAATAACTT TAACCATTGA TTGCATTTC CTTTGCGTAC CATTGTTAGT AATAAGAATA	300
	aCACTGTCGT TCGAATTGTG AGTTGCTAAT AATGTAGCAA AAATATGTGT TTCTTGAACA	360
25	AGTTGAATAT TAAGACCTAT TCTTGATAAC TTTTGGTATA AGTCGGTAGC AACTACAAAA	420
	GATGCGCCAA AACCATATAT AAAAATCGTC TCAGAACGTT TTAAACAATG ACATATTTGA	480
30	TCAATAGTTT TATCATTAA TTCGTTATTT GCATGATTAA GTGCGCGTGT AGTACGTGTA	540
	TGGAGTTTAG TTCTTAAAGA TTCTGTGCTT TCGTTATTCA TTAATTCAAC ATTGTAAATT	600
	GATGATGCTT TAGGAACATA TTTAGATATA TTTATTTTCA AGTCGTGAAA ACCGCCATCA	660
35	GTAAT	665

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 625:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 2549 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 625:

	GATGCCAATT AACCGTGCAT ATAATGTTGA GAAGTTAATC GAAGCAATTC AATATTATCA	60
50	AGAAAAACA AATCGTCGTG TTAATTTTGA ATATGGTCTG TTTGGTGGTG TGAATGACCA	120
	ACTAGAACAT GCAAGAGAAT TAGCACATTT AWTAAAAGGC TTAAACTGCC ATGTAACTT	180
	AATTCctGTC AACCATGTTT CAGAAAGAAA TTATGTGAAA ACGGCTAAAA ATGATATCTT	240



	TTCGGATATT GACGCAGCTT GTGGTCAATT AAGAGCAAAG GAACGACAAG TAGAAACGAG	360
	GTAAAGACAA ATGCTAGAGG CACAATTTTT TACTGATACT GGACAACATA GAGATAAGAA	420
5	TGAAGATGCG GGTGGTATTT TTTATAATCA AACTAATCAA CAACTTTTAG TTCTGTGTGA	480
	TGGTATGGGT GGCCATAAAG CAGGAGAAGT TGCAAGTAAA TTTGTTACAG ATGAGTTGAA	540
	ATCyCGTTTT GAAGCGGAAA ATCTTATAGA ACAACATCAA GCTGAAAATT GGTTCGTAA	600
10	TAATATAAAA GATATAAATT TTCAGTTATA TCACTATGCA CAAGAAAATG CAGAATATAA	660
	AGGTATGGGT ACAACATGTG TTTGTGCACT TGTTTTTGAA AAATCAGTTG TGATAGCAAA	720
	TGTCGGTGAT TCTAGAGCCT ATGTTATTAA TAGTCGACAA ATTGAACAAA TTACTAGTGA	780
15	TCACTCATTG GTTAATCATC TTGTTTTAAC GGGTCAAATT ACGCCGGAAG AAGCATTTAC	840
	ACATCCACAA CGTAATATTA TTACGAAGGT GATGGGCACA GATAAACGTG TGAGTCCAGA	900
20	TTTGTATTATT AAGCGATTAA ATTTTTATGA TTATTTATTA TTAAATTCAG ATGGATTAAAC	960
	TGATTATGTT AAAGACAATG AAATTAAGCG TTTGTTAGTA AAAGAAGGTA CAATAGAAGA	1020
	TCATGGTGAT CAATTAATGC AATTGGCATT AGATAACCAT TCGAAAGATA ACGTTACTTT	1080
25	CATACTCGCG GCTATTGAAG GTGATAAAGT ATGATAGGTA AAATAATAAA TGAACGATAT	1140
	AAAATTGTAG ATAAGCTTGG CGGCGGTGGC ATGAGTACCG TTTATCTTGC TGAAGATACG	1200
	ATACTTAACA TTAAAGTTGC AATTAAGGCG ATTTTTATAC CACCTAGAGA AAAAGAAGAA	1260
30	ACATTAAAAC GTTTTGAACG AGAAGTACAT AACTCATCAC AGCTATCACA TCAAAATATA	1320
	GTAAGTATGA TCGATGTTGA TGAAGAAGAT GACTGTTACT ACTTAGTAAT GGAATATATC	1380
35	GAAGGTCCGA CTTTGTCTGA GTATATTGAA AGTCATGGGC CATTAAAGTGT TGACACAGCG	1440
	ATTAATTTTA CGAATCAAAT ATTGGATGGC ATTAAACATG CGCATGATAT GCGTATTGTA	1500
	CATAGAGATA TTAAGCCACA AAATATATTA ATTGACAGCA ATAAAACGTT GAAAATATTT	1560
40	GATTTTGGA TTTGCTAAAGC TTTAAGTGAG ACGTCTTTAA CTCAGACTAA TCATGTGTGA	1620
	GGTACTGTGC AGTACTTTTC GCCAGAACAA GCAAAAGGTG AGGCAACGGA TGAATGTACA	1680
	GATATTTATT CTATAGGTAT KGTGTTATAT GAAaTGCTTG TTGGTGAACC ACCCTTTAAT	1740
45	GGAGAACTG CAGTTAGCAT TGCGATTAAA CATATTCAGG ATTCTGTGCC AAATGTGACA	1800
	ACAGATGTAC GTAAGGATAT TCCGCAATCT TTAAGTAATG TCATTTTACG CGCTACAGAA	1860
50	AAAGACnAAG CGAATCGTTA CAAAACAATT CAAGAAATGA AAGATGATTT GAGTAGTGTT	1920
	TTACATGAAA ATCGAGCGAA TGAAGATGTC TATGAACTCG ATAAAATGAA AACGATAGCG	1980
	GTACCTTTGA AAAAAGAAGA TCTAGCAAAG CATATTAGTG AACATAAGTC GAATCAACCT	2040

55

AGCCAGAAGG TACGGTGTAC GAACCAAAAC CTAAAAAGAA ATCAACACGA AAGATTGTGC 2160  
 TCTTATCACT AATCTTTTCG TTGTTAATGA TTGCACTTGT TTCTTTTGTG GCAATGGCAA 2220  
 5 TGT TTGGTAA TAAATACGAA GAGaCACCTG ATGTAATCGG GAAATCTGTA AAAGAAGCAG 2280  
 AGCAAATATT CAATAAAAAC AACCTGAAAT TGGGTAAAAT TTCTAGAAGT TATAGTGATA 2340  
 AATATCCTGA AAATGAAATT ATTAAGACAA CTCCTAATAC TGGTGAACGT GTTGAACGTG 2400  
 10 GTGACAGTGT TGATGTTGTT ATATCAAAGG GCCCTGAAAA GGT TAAAATG CCAAATGTCA 2460  
 TTGGTTTACC TAAGGAGGAA GCCTTGCAGA AATTAAAATC GTTAGGTCTT AAAGATGTTA 2520  
 15 CGATTGAAAA AGTATATAAT AATCAAGCG 2549

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 626:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

20 (A) LENGTH: 2286 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 626:

25 TGCTTACTTC GCCTTCAATA CGTACTAATT CATGTCCACA ACTTGGACAA TGGGTTGGCA 60  
 TATGATATGT GACAGCATCC TCAGGTCTAC GTTCTGGAAT ACTACGTACA ACTTCAGGTA 120  
 30 TGATGTCACC TGCTTTTTTC ACTACAACAC TATCACC AAT TCGAATATCT CTGTCATGAA 180  
 TTAAATCCTC ATTGTGCAAA GATGCTCTTG aTACAGTTGT ACCAGCTACT TTTACTGGTT 240  
 35 CTAAAATAGC AGTAGGTGTG ACTACACCTG TTCGTCCAAT ACTTAATTCA ATATCTAATA 300  
 ATTTAGTTAC TACTTCCTCA GCTGGAAATT TATAAGCAAT GGCCCATCTA GGAGATTTTT 360  
 GTGTGAATCC CATCTCATCC TGTTGATCTA AATCATT AAC CTTAATAACA ATCCCATCAA 420  
 40 TATCATAAGG TAATGACTCT CTTTGGCTTG TCCATTTTTT AATATACTCT AAAACACCAT 480  
 CGATATTATT TACACGCGCT CTATTTTTAT TCGTTGTAAA ACCTAATT TA TCTAACTCAT 540  
 CTAATGCTTC ACTTTGCGAA CGCGCAATTGA AATCAGTGAA ATCATTGACA CTATATATAA 600  
 45 ATACGCTTAG CTTTCGTTTT GCCGTTAATT TAGAATCTAA CTGTCTTAAT GATCCCGCAG 660  
 CAGCGTTTCT TGGATTnGCA AATAACTGCT CATCATTTTT TTCTTTTTCT TCATTTAATC 720  
 50 GTAAAAATGA ACGTCTCGGC ATATATGCTT CACCACGAAC TTCTACATTT AATGGtTCTT 780  
 TCATTTTCAA AGGTATCGCA TGAATTGTTT TTaAATTTTC GGTAATATCT TCACCTGTTG 840  
 TTCCATCACC ACGTGTTAAA CCTTGaACGA AGTATCCATC AACATATTTT AATGATACTG 900

55

GTTGGTCGAA TTTTCTCAA TCATCCTCAT TAAATGCATT CCCTAAACTT AACATTGGCG 1020  
 TGTCATGGTT GACTTTATTG AAAGAGGCTT GGGCTTCACC GCCAACTCTA ACTGTTGGAG 1080  
 5 AATCTACAGT CTTATACTCA GGATGCTCCT CTTCTATTTT AATCAGTTCA TGAAGTAATT 1140  
 TGTCATATTC ACTATCTGGT ACAGATGGAT TATCCTCTAC ATAGTATTCA TAACTGTATT 1200  
 GATTTAATAA ATCATGTAAC TCGTTCACAC GAGACGATAA ATCAGCCATC CCTTAATCCT 1260  
 10 CCTTTTTTtC AATTGGTGCA AATTGCGCTA ACAAACGTTT TGGCCCTTGT GATTTAAAGA 1320  
 TAATATCTAG TTCGATTGAG CCATTTTTCT CGTTTACATT ACTCACCATG CCTTCTCCCC 1380  
 AGGCTTTATG CATCACTTTG TCACCTACAT TCCAATCAGA TGACAATACT TGTTTTTTTCG 1440  
 15 TTGACGTTGT TCGTTGACTA AATCCGCGTT TAGCAAAAGG TTTTGCCTTA GGTGTATCG 1500  
 TTTGTCGTTT GCCACTTGAA TGATTTTCTA ATAGTGATTG TGAATTTCC TTTAAAAATC 1560  
 20 TGGATGGCAT ATTTGACTGA GGGCGACCAA ATAACATTCT TGATGTCGCA TGAGTGATAT 1620  
 ATAACACCTC TTCAGCCCTT GTAATTGCTA CATAACAAAT ACGACGTTCT TCTTGCATTT 1680  
 CATGATCATC TTCACTCTTA ATCGCTCTAA TATGTGGGAA TAAAGATTCT TCCATCCCCA 1740  
 25 TTATAAAGAC AATTGGAAAT TCAAGGCCCT TAGCCGAGTG CATCGTCATT AGTGTTACGC 1800  
 CATTTTCAGT ATCTGCCTCA TCAATATCAG CTACTAACGA TAAATCCGTT AAAAAGTTAA 1860  
 TTAATGACTG TTCTTCTAAT GGGGTATTTT CCTCATAGTC TTTTGGTACT GACATAAATT 1920  
 30 CATCGATGTT TTCTAATCTA CTTGAGATT CTAATGTATT TTCACGTTCA AGCATTCTC 1980  
 GATAGCCAGA CTTTGTAAAT ACTTCATCAA CTATTTTCATG AATTTCTAAA AATCCTTGTT 2040  
 35 CTTTATCAA GCTTTGGATT AACTCGTAAA AATTAAGACA CTCTTGTC ACCTTTTTTG 2100  
 aCAATCCGAT AAAATCAGCT TCTCCAAGTG CATCAAACAT ACTGATATTG TTTTGAAGTG 2160  
 CATAGTTTTG AACTTTTTCA ACAGATGAAG GACCTACACC TCTTTTGGGA ACATTaATAA 2220  
 40 TACGTTGCAA ACTAATGTCA TCATTACTAT TGGCAATTAT ACGCAAATAA CTTAATAAAT 2280  
 CTTTGA 2286

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 627:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 627:

TGACATTAAA AGTTGGGTGA AnAAACAAGG CATACTTTAG TTAAGCTTGA TGAAAATAAC 120  
 AATGGAATTA ATGCGATTAT TCAAAAAGAA AAAGCAAAAG ATTTAGATAT AAATTATTCT 180  
 5 GCTAAAGGTA CTACCAATTG TATTATTTAG TGGAGAATTA GACAAGCTGT AGCAGCGTTG 240  
 ATTATTGCCA ATGGTGCTAG AGCTGCTGGA AAAGATGTAA CTACCTCCTT ACTTTTTGGG 300  
 GGCTTATGCC nTTAAAAAAG TGCCACCGTT AATGTTAAAA GCAGTTGCCA AAATGTTTGA 360  
 10 TTnATGTTGC CCCAAAAGAT TTACGATGCC CCTTCCCAA 400

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 628:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 453 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 628:

AATAATTTGG GCGCTnTTTG CGTCGGGATA TTATACCGCT TCCTTAATTG TTCAACATTG 60  
 25 TAATCACTGT TTTTCAATTG ATATTTTGCA GAGTAAATTG GTACTTCTGG GTTATATGAC 120  
 ACTTCGTCCT CTTTATAGTT TTCCAATTCT TTGAAATTCC CGTATTGTAC AAAGAAGTTA 180  
 AATTCTTCGA TTTCTTTTTT TACTTTTTTCG TCATCGATTG GTTTAAATGG AATCATTTTA 240  
 30 TTAKTTTCCA TTTTCACAGG ATATCTTTTT GTATGATTGT GTGTCATTCC ATCGCTATCT 300  
 TCAACAACCTT CTCTAACAAT ATAATGCCCT TTAGCCGTTT TAGTATTTCT GTTAATTTCT 360  
 AAAACTGCTC CTCTrGATTC CAGATTTTCT CCTTTTAATT GGATTTTCAT TTCAGATCTA 420  
 35 ATTAGcCAAG TACCTTTATC ATCTtTTTTA AAT 453

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 629:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1221 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 629:

TCATATGCAT TTGCAAAATA AACGCCAGAA GCAAGGTTTA GAATTGGGCC GTCCGTTTTG 60  
 50 CTCaATTTCAC TTGcATTCAA TAATTCATGC TGATCATGAT CAATTTGCTT ATCTAATTCT 120  
 GCaATTTTCT TCATTTGCTT ATCTGATTG TTTTCTTTTCG CCATCATTTG ATCACGACGA 180

5 GCTAATGGTA CTAATACTTT ATCTCCATAT GTGTCAATAA AGTTATAAAA ATAATCATCT 300  
 GTTTTTGATA CAAATCCAGC ACGCTCTTCA GTTTCACGAT ATAAATCTAA GAAAAGATTG 360  
 AACTCATCAC GTTCAAGGAA TCTGACTTTA ACACCATAGT TTATCGCTTT ATTAATATTA 420  
 CGTTTACGTT GACTATCAAA TGTCTTTTTT AATGTTTCGG GTGTTTACC TTCAAGGTTT 480  
 10 AATACGCCCCA TCCATCGTAC TTGGCTCGAT GTATCATACT CAGTTGTAAA GCCATGATGC 540  
 TCGTAACCAT GTGATTTAAA CAAGTTTACT AGGGCATCAT TTTTCTCGCG ACCTTCAAAT 600  
 GGCACGATAT CTTTATCATA TAGATGATAT AACCAATACG GATCTAATTT AACATATAAA 660  
 15 CATTGATGTT GCTGTAAATA TTTATCTAAC TCTTTTAAAT AATAATCAAC TAATCCTAAA 720  
 TCTGAAAAAT CCATTACTGG ACCACGATTC GAATAGTAAA CATAACTTCC CATAGTAGGA 780  
 ATTTTAGAGA AAAGGCTTGC TGCAATTACT TTGTTATTGT CGTCTTTAAT ACCTAATAAA 840  
 20 ACTACTTCAA AGCCATCATT CTCACGGGTA ACTATATTTT CTTTACTTG GAAATAATGA 900  
 CTTTCCAATG ATGGATTTTG TACAAAGTTG TCAAATTCGG TAACAGTTAA CTCTGTAAAT 960  
 TTCATGTTTT GATAATTCCT TCCTAAAAAA TTCTGTCTTT AACTTTTTTA AGTGCGGTAT 1020  
 25 ATGCTGCGTA AACAGGTTTA TTAATTGGTT TAATAAAGTC ACCAACATAT TCmATAATTT 1080  
 CAGCATTGTA ACCTTTTTTG AATTAACTA CACCAGCATC TTCAGCATCT TCTGTAAATT 1140  
 TrCCACTAAC ACCATAGAAA TTATAACGGT CAATGCATGA TTTAATGCAT AATTAATCAT 1200  
 30 TTCCCATTGC ACTGCATAAC T 1221

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 630:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1121 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

40

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 630:

45 TGGCCCAaNT AACACAAGTA ATTGCTGCTA ATGGTAACAT CACAAAAAAT GAAATCGTAA 60  
 CTACAAATGT TAAACCTTGG AATACACCAA CCATTTCTGG TAATCGTTTA CTATAGTATC 120  
 TATTGTGAAT CCAAGTAATA ATAGCTGAAA TAATAATACC ACCTAGAATA TTCGTATCCA 180  
 50 ATGTGGCAAT ACCTGCAATT GATTTTAAAC CAGGTACATT TTCAACGCCT TTTTCTAAAT 240  
 TAGCGCCAAA CGTATGTGGC CATTGTGTTA AAATGGCATT TATAAATGTA TTAAACATTA 300  
 AGTAACCCAT CAATGCTGCA AGTGCTGCAT GACCTGGTGC TTTTTTAGCT AAAGAAAGTG 360

55

TTACTGACCA AAATTAAAC CAAAACGTAT GTTGATCTGC TAAACTCCCC ATGATTGTAG 480  
 GATTTTTAAA TAATGTCGCA AAGCCAAGCA CTATCCCAA GAAAGCGAAC ATTAATACCG 540  
 5 GTACAATCAT TGCCTACCG AAACGCTTTA TCGCATTCAT CTTCTATTCC CTCCATATCA 600  
 TCTTTCCTAA CAATACATCT AATTAGATTC ATTTATAAAT AGATGTCTTA CTATTTAAAT 660  
 ATAATATATA GTAAACGCTT ACACACCTAC AACGACATTG ACGTATTTTG AAAGTATTTT 720  
 10 GTATAATCAG ATTATCTTTT CATATAGTGA AAATTTTTTC ACGACCTTAT ATATGACATC 780  
 GTTGTATTTG TAATACATTC GTTTTAAACG CATAATCAAA CCTATATCAA TACACAAATA 840  
 TATATAATGA CATAAAGAT TTTAATGTAA TAACGATCTA TTACACATTT ATTTTCAAGG 900  
 15 AGGTTGAATA TGTTTTTAGA TGAACACATT AATCGAAACT TTGATAAACT TAATGATAAT 960  
 GATTTACATA TCGCTCACTT TATCAATACA CATATAGATG AATGTAAAAA TATGAAAATA 1020  
 20 CAAGATTTAG CGCAATTCAC ACATGCCTCG AATGCAACCA TTCACAGATT TACACGCAA 1080  
 TTAGGTTTTG ACGGTATAG TGGATTAA TCGTACCTTA A 1121

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 631:

25 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 4005 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 30 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 631:

35 AACCTTCCAT TTTACTTGAT CGATAACATC AGTTCTGCTT TACAAATCTC TTCATTAATA 60  
 TGCGTCTTAA AACCATGAAA TTTAACATGT TCCGATAAAT GATAATCTTC TACAAGTTGT 120  
 CGATATTCTG ACAAACCATT TCCATGTCCA TAAATATTCA ATTGAATATT GGGATGTTTT 180  
 40 GTTACTAATT GCTTGATTAC TTCAATTGTA TGTTTAATTT GTTTATTTTC AACGAGGCGA 240  
 GCAATTGATA TGATATGATT TTTCTCCTTT TGATTGATGT CAAATTGATA CTTTAAATTT 300  
 GCCACGTAGC CAACCGGAAT ATTGATAACT GGTATTTTAT TTTCAATATA TTGTGAAATA 360  
 45 TCTTGGCATT GCTTTTCTGT TGATACAACA ATCGCTTTAT AACGTGTTAA ATTATTAAAC 420  
 ACTGTTTTAT AAAAATTTT TATACCATTA CCGGCACCGG ATAAATGTGT ACTATGGAGC 480  
 ACAACAATA CTGGAATACT TTGATTAAAT CCCGCTATAA CATTTCCTAA TTCATGAGGA 540  
 50 CGATCTAATA TGATTTGATC ATTATTTTTA CATAATTGAT GGAGAAAATA TTGAACTAAT 600  
 TCATCTTCTG TATCAAAAAA TTGTTGATGC TGGTCTTCAT TTAAGATAAC CTTTGTGAGC 660

55



	TAGTAATTTT CGAGTACAAT CCGTTGTCCT TCACCTAAAA TTCGAGAACA ACTTAAAAAG	780
	CCTCTTCCAT CATACAATTC GCGTTTTACT TTTCTTCTTT TATGATCAAA ATAATTCACA	840
5	TAATTTAATT GATGATACTG TTTATCTAAA AAATGAGCAT ACATTACAAA TTGCTCTTCA	900
	TCATATATTC TGACATCATT TGAATTTTCC ACAAATTTCA ATGTGTACCT ACATGACTTT	960
10	TCCCAATACT GTATCCAGTT AACTTGCTTT GTCTTTTAT AATTGATTGC TTTTGA AAA	1020
	TAGTCATACA TTGTAAATAC ATCATTITCA ATCTGATGTT GCTTCGCATA TGTGTATGAA	1080
	TAAGGATTCC ATTTAACATA TACACATTTT GAAGATATGC CGTGTTGTTT GAACAACTTC	1140
15	AATCTATTTA TTGCGCTTT TTCTACACCT GTAATTTTAC TTTCTAAAAT TGTTCTTAAA	1200
	ATGTAATTCA TATTATCGCC TCATATAAGT TTTATTCCGT ATCTTTATTG TTTATTTTAT	1260
	ATGAAAAATA CATCTATTGC ATGTGTAATT ATAAAAAAC CAGGCCACAA GGACCTGGGT	1320
20	CATATTGTAT TATTTGTTTT GTTTTTTGCG ACGACCGAAT AACATAATG AACCTAATGC	1380
	TGCAAATAAT CCACCAAATA ACGTTGCGTT ATTTGAGCCG TTATTTTCAC TACCTGTTTC	1440
	TGGTAATGCT TTGCTTTAT TGTGATGGTC TTTAGTAGTA CTCATTGGTT TAACAGGTGT	1500
25	ATGTTTTCTT GCATCCGAGT CTGAATCGCT GTCTGAATCA CTGTCTGAGT CTGAGTCGCT	1560
	ATCAGAGTCT GAGTCGCTGT CCGAATCTGA GTCGCTATCT GAGTCTGAGT CGCTGTCTGA	1620
30	ATCTGAATCA CTGTCTGAGT CTGAGTCGCT ATCTGAGTCT GAATCGCTGT CTGAATCTGA	1680
	GTCGCTATCT GAGTCTGAAT CGCTGTCTGA ATCTGAGTCG CTATCTGAGT CCGAATCGCT	1740
	ATCTGAATCT GAGTCGCTGT CTGAGTCTGA GTCGCTATCT GAGTCTGAAT CGCTGTCTGA	1800
35	GTCCGAATCG CTATCTGAAT CTGAGTCGCT GTCTGAGTCT GAATCGCTAT CTGAATCTGA	1860
	GTCGCTATCT GAGTCTGAAT CGCTGTCCGA ATCTGAGTCG CTATCTGAAT CTGAGTCGCT	1920
	GTCTGAATCT GAATCACTGT CTGAGTCTGA GTCGCTGTCT GAGTCTGAGT CGCTGTCTGA	1980
40	GTCACATCT GAGTCTGAAT CGCTGTCTGA TGTATCTTCT TCGAAGTATC CGTTATCAAG	2040
	TGTGAAATCA TCATGATCCG TAATTGTTAC GTCAACTTCG CCACCATCTG CATCTTTATC	2100
45	ATCTTCAGTT GTATTTGTAA CTGTTTGTGT TAAGCCAGCA GGCTTTTCAA AAATAACTTT	2160
	GTATTTACCG CTATCTAAAT TATCAAAGCA GTATTTACCA TTTTCATCTG TTTTAGTTGT	2220
	TCCAATTACT TCGCCTTTTT CATTTAATAA AGTAACTTTA ACATCTTTGA TACCTTTTTC	2280
50	AGTTGAATCT TGTTTGCCGT CTTTATTACT GTCGTACCAA ACATAATCAC CTAAACTATA	2340
	TTTTGGTGT TTATAGAAAC CACTGTCTAA TGTCATGTTA TCTGCATCTT TAATGACACC	2400
55	TGTTGTTGTT AAACCATTAG AATCTTTTTTC AGTATCATTT CCAGAAGTTA CTGAAGTTGG	2460

	TTGATATTTA CCATTTTCAT CTGTTGTAAC TGTTTTTAAA ACTTTGTCGT TTCATCTTT	2580
	TAACGTAAC TTTACACCTG AAATGCCCTT TTCATCTTTA TCTTGAACAC CGTTTTTATT	2640
5	TGTATCTTCC CATACATAGT CACCTAAGTT GTAAGTCGGT TTGTAGAAAC CAGAGTCAAT	2700
	AGTATCGTTA TCTTTATCTT TAATGACACC TGTTGTTGAT GTACCATTG AATCTATACC	2760
	TTCATCAGTT CCTGAACCTA CTTGTGTTGG TGTGTAACCT GATGGTGTTT CGAATTCAAC	2820
10	TTTATAAGTT CCATTTTCTA ATCCAGTAAA TTGATATTTA CCATCTTTAT CTGTTTTAGT	2880
	TGTTTGTAAC ACTTCACCGT TTTCAATTTTT CAATGTAAC TTTACGCCTG AAATACCTTT	2940
	TTTCAAGTTGAA TCCTGCTTAC CATCTTTATT TGTATCTTCC CATAcataat TACCTAAATT	3000
15	ATATTTTGGT GTTTTGTAGA ATCCACTATC TAATGTCATG TTATCAGCAC CATTAAATAAC	3060
	ACCTGTTGTT GTTAAACCAT TAGAGTCTTT TTCAATGTCG CTACCAGATG TTAGTGTAGT	3120
20	CGGTGTATAG CCTTCTGGTG TAGTAAATTC AACTTTATAA TTACCATTAT CTAAATCAGT	3180
	AAATTTATAT TTGCCATCAG CGTCTGTTGT AACTGTTTTT AaCagTTACC GTTTTCATCT	3240
	TTTAATGTTA CCGTTACGCC AGATATACCT TTTTCATCTT GGTCTTGGAT ACCATTTTTA	3300
25	TTTGTATCTT CCCAGACATA GTCACCTAAG TTGTATTTAG GTTTGTAAAT ACCTAAGTCT	3360
	GCAGATAAGT TATCTTTGCC ATTAAGTGA ATAACTGAAG ATAAGCCGTT TGAATCTAAT	3420
	TCTTCGTTAT TACCTTGTTT TGAAGGGGTT ACTTCATAAC CTTTGGTAA GTTTGAAAAT	3480
30	TCTACACGGT AATCTCCATT AGGTAAGTTT GGAATCAAGT ATGACCCATC TTCTTTAGTA	3540
	ACTGCTTCTC CTACTTTTGT ATTTGTATTA TTATCAAATA CAGTTACAGT TACATTGCCA	3600
35	ACGCCTTTTT CTCCTAATTC TTGAACACCG TTTTATTAG TATCTTCCCA TACGTAGTTA	3660
	CCAATTTTAT ATACTTCTTG ACCAGctCCG CCACTTTGGT TATTAGTAAA TCCTAAAGCA	3720
	TTGCCAGTAG AAACGGATTT ATTACCTGTT GAAGATAAAG TAGCCATTG AACAAAGTGT	3780
40	GGGCTTTTCG TATTTGTATA TTGGAATTTT GTATTAACCA TTACAACATA AGCAGAATCT	3840
	GCATTTCCAA AATCAATAAC AGCGCTATTG TtGTCGCCAT ATGTAATTTT CTGCAAGTAT	3900
	TGATTTGTTA CATCTGTAAG CTCTTTAGTA TTCACATCGT ATCCTTTATT TAATGTATAA	3960
45	CCTTTAGGAA CTTGATATAT TTTTATATCT GTTACATCTT TATTT	4005

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 632:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1440 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 632:

	TATTAGGTTA CTCTAGTTTC CAAAGCGGGA ATTTTAATGT TATTAACAGC AAGGACAGCA	60
5	AAAGCAATAT CGGCGCATTG ATTGAAAATC CAGGAATATA TCCTTTTATG TCTGGATATG	120
	AAAACCTGAA GTTATTGAAT GAATCAAAAA ACACTCAAGA TATCGATAAA ATTGTCTCAC	180
10	AACTTCATAT GGATGAATAC ATTCATAAAA AAGCTAAAAC GTATTCTCTT GGTATGAAAC	240
	AAAAATTAGG AATTGCTATA GCATTTTAA ATAAACCTCA ATTCATTATC TTAGATGAAC	300
	CAATGAATGG CTTAGATCCA AAAGCTGTGC GAGATGTACG TGAATTGATT GTCCAAAAAG	360
15	CGCAAGAAGG TGTTACTTTC TTAATTTTGA GTCATATTTT AAGTGAATTA GTTAAAATCA	420
	CAAACTCTAT CCTTATTATT AACAAAGGTA AAATTGTTAC AGAAACATCG GAAGAAGAAC	480
	TTAAACAATT TAAAGATAAT GATTTAGAAA ATGTATTACT AGAAATCATA GAAAGGGAGG	540
20	ACCAAGCATA AAATGGGAAC TTTAATTAAA CAAGAATGTT TCAAATTATT TAAAAAGAAA	600
	TCAACTTTTA TCGCACCTAT TGTCTTTATT CTACTAATGG TTGCTCAAGG TTATATTGCT	660
	ACAAAATACA ATGAAATTTT TACGCCACAG GAATCTTTCA CATCTGCTTA TAATGGTTTT	720
25	TCATGGTTTG CATTTTATT AATTATTCAA GCAAGTACAA TCATTTCAT GGAATTCAT	780
	TACGGTACGA TTAAAAATTT ACTCTATCGT GAATATTCAA GAACAACTAT GATTGTTAGC	840
30	AAAATCATCA CATTATTTAT TATTTCTTAA ATTTATTTTG TTATTACAAT TATTGCTTCA	900
	ATTGTTATTG GGTCTTTATT CTTAATGAT TTAAATATAT TTGAAAGTAG CGGTAATCAA	960
	TTATCTTTAT TGAATCAATT ATTATTAGTT AGTTTAGGCA CATTTGTTGG CGTTTGGTTA	1020
35	GTTTTAAGCT TAACGTTGCT ATTATCATCT GCAACAAATT CAACGGGAGT AGCCATTGCT	1080
	GTAGGTATTG TTTTTTATTT TGCAAGTTCT ATTTTAGCAG TTATTCAAAC GGCACITTTA	1140
	GAAAAAATAG ACTGGCTAAA GTGGAATCCT ATTAATATGA TGAATATTAT GCTTCAAACA	1200
40	GTTGAAAAAG GCTTTAGTAA GTCGACAAAA TTAGAAGTTC ATGAATTGTT TATTGGTAAT	1260
	ATTGCTTATA TTTCTATTTT CTTAATACTT GTAGTATTTA TTTTCAAGAA GAAAAATATT	1320
	TAGTAACTTA AAGTATTAAA TGTCTAAATA CACACATATT CCATCGTAAT TCAAAATCAT	1380
45	TTTCAAATCC CTTACACCAA ATAATGGTGC GGGGATTTT TCATCCAAAT TTTGGAAATT	1440

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 633:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1323 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 633:

5 GCTGACATAA TTGCATCAAA TTTCACATCC CCATAAAAAT CGCTACCACA TAACCTACGA 60  
 TAATACCTAC AAGAACTGGA ATTAAAGATA GGAATCCTTT AAAAAATCCT TGAACGACTA 120  
 TTGTTACAAG CAAGGTTATC ATTGCAACAA TTAAGAAACT GATATTGTAA CCTTTCATAT 180  
 CTCCAGGATT TTCATACATT GCCATATTGA CTGCAGTAGG CGCTAAGCTT AAACCAATTA 240  
 10 CCATGATGAC TGGTCCAACA ACAACTGGTG GTAATAATTT CATTAAACCAT GCTGTCCCAC 300  
 TTAATTTGAT TAGAATCCCG ATGATGACGT ACATAACACC ACTCATGaAT AATGCTACAA 360  
 GCATGTCTCC TAAGCTATGC GTACTTAATC CCGTGATAAT TGGCGTGATA AATGCAAAGC 420  
 15 TAGATCCCAA GTATGCTGGT ATTTGCGCCT TCGTTATTAA GATATAAAGT AATGTACCGA 480  
 TTCCCGAAGC TAGTAACGCT GCTGATATTG GTAGTCCTGT TAAGAATGGT ACTAGTACTG 540  
 20 TTGCGCCAAA CATCGCAAAT AAATGTTGTA AGCTTAAAAA TGCCCATTCG GCTGGTTGTG 600  
 GTTTTTTCATT TACATCTAGT ACGGGTTTTA CTGTTCGTTC AAACATTTCA TCATTTTGCA 660  
 TAATATTCAT TTCCTCCGAT AATAAAAAAA TCTCTTTACA TCAGTATATG TAAAGAGACA 720  
 25 AAAAGTGTGA CAAGTTGCTA CAAGTCATTT TCGTCCATAG AAATTGACTT ATAGTTGTCTG 780  
 AACATGAGGG TATTATTAGA TAAACAAGCA TATGAAAAC TATTTATCAT TCAACTCCCC 840  
 CACCTTTTTTC AGTCTCTCGT ACTGAATTAA AAGGGGtATT ATTTAATTAT AACTGCATTT 900  
 30 CTTTGATCca TtctTCyAA ATAGACACTT ACCGTTTCCT CTTTAGAAGT AGGTawATTT 960  
 TTACCAACAA AATCTGCTCG AATTGGTAAC TCACGATGTC CTCGATCAAC CAAAGCAGCT 1020  
 AAACCAATTT TAATAGGTCT AGCATTTAGC AAAATAGCAT CAAGTGAAGC ACGAACCGTT 1080  
 35 CGACCAGTAT ACAGCACATC GTCAATAATG ATGACTACTT TATCTGTAAT ATCTGTGTCTG 1140  
 ATGTCTATTG CGTCTTTTGT CGTAAGTGAT GACATGTGcT CTATATCATC TCTAAAGTAT 1200  
 40 GTAATATCAA TTGTTCCAGT AGGTATACGT TGTGCTCAA TTTGATGAAT TtATCTTGT 1260  
 ATACGATTCTG CTAAATATTC ACCTCTTGTh TTGATACCTA AAAGATTAAA TTATCAGTAC 1320  
 CTT 1323

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 634:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 761 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

ACCCATCTCA TCGTATTTTG AATTTAATAG ACGAGATCGA TGTATATCTG AATTCATCCC 60  
 AACTATGGAT TAATGTTGGT ACATCATtAA cGCATAACCA ACATTTTGAG CAGTTGTTTT 120  
 5 ATAAGTAACG TGATTTTTAT CTAATTGCCC TCTTAATGCG TCCTCTGTAA ATTCAACACT 180  
 ATCAGAACCA TTAGAGGTCG CTTCATATAA GTTATTAGAT GCAATATGTG CTAAATCGCT 240  
 ATTGATTTTC AATGGTTTTA ATCCTTTTAA TTTTCTCATT TCATTCGTTA CTTCATAAAG 300  
 10 AGAAATTAAT TGATTTGGAT TTTGCTCAAC TGGACGCTTA TTATGCTCTT CTGACGTAGA 360  
 ATTAGAATTT AATTGATAAG GTTCAATATC TGCTAACATT TCTTTTGTTA AAAATCGTAC 420  
 ACTTAGCACC TTTTTCGATT GTTGATCAGA ATACACTTGT GCATATATGT CGCCATATTT 480  
 15 AATCaGTGTT TGTGTTTTTA AATCTTCATC TGAAAGTTCA AATTCATATT TTTTACCATC 540  
 AACTTTAAAG GACGGTCTG GATTAATACT TGTATGATTA AAAATTTCTG CAGAATGTTG 600  
 20 TCCTATTTTT AACGGACTAA CATTGACTTT CTCACCTGTA GCATACACTG AAACGATTTT 660  
 TTCACGTTTA GTTGAAACAA TGTAATAACT GTTTTTGTCT TTAAACACAT AATTTTGTGA 720  
 rCCATCTCTA AAAGGGTAGA CrCGATCTGC TTGTCCAAAT T 761

25 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 635:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 827 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 30 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 635:

35 nTAAATATAT TTATATATTA TAGAATAGAA AGACCTGAAG ATTGAATATC TTTCGCAAAG 60  
 CCTTTAACTG TATCTACTGA TAATTCGTTA ATATCGCGAC CTAAGTTTGT ATTCACTTTT 120  
 40 TTCACAACAT CTGCTGGGCA TGTAATAATA TCTGCACCAA TTTCATCAGC TTGAATCACA 180  
 TTGAATAATT CGCGGCAACT TGCCCATAAT AATTTAACGC CGTCTTTACT ATGCGTAACT 240  
 TTnACAGCCT CTkTCATTAA TGGT<sub>a</sub>ATGGA TCTACGCCTG TAtCTGCAAT ACGTCCTGCA 300  
 45 AATACTGAAA CATATGTTGG CACACCTTCA GTTACTGCTT CAGTTATTTT TTTAACTTGT 360  
 TCAATTGTGT AAACAGCCGT AACGTTTAAT CTCACATTGT CAGCTGAAAG TTTTTTAATT 420  
 AAAGGAATCG TTGATTCACC TTTTGTATTT ACAATAGGAA FTTTAACAAA TACATTTTCG 480  
 50 CCATATTGTT TTAAAATTGC TGCTTCTTTk TCCATAGTTT CTAAATCGTC TGCAAATACT 540  
 TCAAATGA<sub>r</sub>A TTGAAGCATC TGGAATTTCT TTCACAGCTT CTTCAGCAAA AGCTTTGTAA 600

55

TTTTTATAAG CTGCTTTCAT TnCTTCAATA TCTGCACCGk CCGCAAATAC TTCTACATTT 720  
 AGTTTAGCCA TATAAyATAG CCTCCTTGAT TCTTATTAAA ATTTTAACAA CATCTGCATG 780  
 5 kCTTTTTCTT ACAACCATTT GTAAAAATG ATTTTTATTT CTTtGTT 827

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 636:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1478 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 636:

TTAGTCGGTA TAACCATCGG CTAGGTGGTT TTTGTATTAA AAAAGTGGAT aCCAAAATTT 60  
 20 ATTAATAATT ATTTTAATGT TAGAAAAAAA CTAAATAAAA ACTCGCTAAT GATATCCAAT 120  
 AATATGTATA CAAAACGAGA CATATATTGC ATATGATTAA CGAGATACTG AAAATATTTT 180  
 ATCACCCCTA AAATGATTAT TCATTTTCAG CGGTAATTCG ACCTAAAGTC AAACCTTACAA 240  
 25 TAAAACCGAT GATAAATACT ACTAATGAAA CGAACCACAT CACGATATTA GTTGGTAAAC 300  
 CTGGAAATAC TGCAAAGAGG GAGCCAACAA CAAAACCAAT GATTAATGCA AAAGTCATTA 360  
 GTTTATGATG TGTTAGGAAA TACTGGATAA TTTTGCTTGA AATAATGAAT CCAGCAAGCA 420  
 30 CGCCAAATCC GACTGCAAGT AATATAGGAA GACCTGCAAA GTTAAGTTTA ACAACTTCAG 480  
 ATATTGCTAG CATGACCGTA CCATAGACGC CAAATACTAA TAACATAAAT GACCCTGAAA 540  
 TACCTGGGAG TAACATAGCA CTAGATGCAC ACATACCTGC AATAAAATAT TTAATAATAA 600  
 35 GACTAGTTGA TAGAGTAAGT GTTCTCCAG CATGTTTATC ACCATTATTC ATTAATGTAA 660  
 TAACAATTAA GATAGCGATA CCAGCTATAA CCATCATGTA ATGTYTAGTT GTAAATGACG 720  
 40 TTTTATAGTT AGAAATTTTC AATAAATATG GAACGATACC AATGATTAAT CCACCAAAGA 780  
 AAAACATAGT TGGAATATGG TGTTGGCTTA ATAAATAATT AAAAAGATTA CTTAGTGATC 840  
 CCATTGCCAG TAACATTCCA ATTATAATGG GGATTAAAAA TGTAAAACTT GGCCAAAAAC 900  
 45 GTCGTGAGAA TATGCCGCTA ATTGAAGCGA TAAATTGATT GTAAATACCT AACAATAATG 960  
 CGATAGTCCC ACCGCTAACA CCAGGTACCA AGTCACTCGT TCCCATAGCA AAACCTTTTA 1020  
 GAATATTAAT CCATTTAAAT TGTTGCATGA ATAACCTCCTT TCAAACGATT GGAATAAAAT 1080  
 50 CATAAATAGC ATCATACCAT ATTACAAATG TCCTAGTGAA ATGATAACAT ATTTTAAATT 1140  
 CATAAAATCC ATTGAGAAAT TATGTGCACT TATTATCATT TATATTTTTA AAGAGAGCGG 1200



AGGTATAAGT AAGTTATAAT TAACTGAACG CATTATTACA AAGTCTTTTT GACTACAAAT 1320  
TAAAATTATT ATAACTAGT TAAGAAAAC TATATTTTA CGGAGGGAAT ATAAAATGGC 1380  
5 ATCAACATTA GAAATyAAAG ACCTACATGT GTCTATTGAG GATAAAGAAA TCTTAAAAGG 1440  
TGTTAACTTG ACAATTAACA CTGATGAAAT ACATGCGA 1478

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 637:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1995 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
15 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 637:

20 ATTACAGCAT CTTCTCTAGG TAGATTATTA AAAGATAGAG GTCTAAATGT AACAAATCAA 60  
AAATTCGATC CATACTTAAA TGTGACCCA GGTACAATGA GTCCTTATCA ACATGGTGAA 120  
GTATTCGTAA nGGATGATGG TGCAGAACT GACCTAGACT TAGGACATTA CGAAAGATTT 180  
25 ATTGATATTA ATTTAAACAA GTTTTCAAAT GTGACAGCCG GTAAAGTGTA TTCACACGTA 240  
TTGAAAAAAG AACGTCGTGG TGATTACTTA GCGGGAACAG TTCAAGTTAT TCCGCATATT 300  
ACAAATGAAA TTAAAGAACG TTTATTACTT GCAGGGGAAA GTACGAATGC AGACGTTGTT 360  
30 ATCACTGAAA TTGGCGGTAC AACAGGTGAT ATTGAGTCAT TACCGTTTAT TGAAGCGATT 420  
CGTCAAATTC GTAGCGATTT AGGTAGAGAA AATGTTATGT ATGTTCACTG TACATTACTG 480  
CCTTATATTA AAGCTGCTGG AGAAATGAAA ACGAAGCCAA CACAACATAG TGTTAAAGAA 540  
35 TTACGAGGCT TAGGTATTCA ACCAGACTTA ATCGTTGTAA GAACTGAATA TGAAATGACA 600  
CAAGATTTAA AAGATAAAAT TGCATTATTC TGTGACATTA ATAAAGAAAG TGTTATTGAA 660  
40 TGTCGTGATG CAGACTCTTT ATACGAAATT CCATTACAAT TAAGCCAACA AAATATGGAT 720  
GATATCGTTA TTAAACGTTT ACAATTAAAC GCGAAATATG AAACACAGCT TGATGAATGG 780  
AAACAGTTGT TAGATATCGT TAATAATTTA GATGGTAAAA TTACAATTGG TTTAGTAGGT 840  
45 AAATATGTTA GCTTACAAGA TGCATATTTA TCAGTTGTTG AATCATTGAA ACATGCTGGA 900  
TATCCTTTTG CCAAAGATAT TGACATTAGA TGGATTGATT CAAGTGAAGT AACAGATGAA 960  
AATGCAGCCG AATACCTTGC AGATGTCGAC GGTATTTTAG TACCAGGTGG ATTTGGTTTC 1020  
50 CGTGCAAGTG AAGGTAAAAT TAGTGCAATT AAGTATGCTA GAGAAAACAA TGTACCATTC 1080  
TTTGGTATTT GTTTAGGAAT GCAACTTGCA ACAGTTGAAT TTTCAAGAAA CGTATTAGGC 1140

TTACCAGAAC AAAAAGATAT CGAAGATTTA GGTGGTACAT TACGCTTAGG CTTATATTCA 1260  
 TGTTC AATTA AAGAAGGCAC ATTGGCACAA GATGTTTATG GTAAAGCGGA AATTGAAGAA 1320  
 5 AGACATCGTC ATCGTTATGA ATTTAATAAT GACTATAGAG AACAATTAGA AGCAAATGGT 1380  
 ATGGTGATTT CTGGTACAAG tCCAGATGGA CGTTTAGTAG AAATGGTAGA GATTCCGACA 1440  
 AATGtTTCTT TATTGCTTGT CAATTCCACC CAGAATTCTT ATCTAGACCA AATCGTCCGC 1500  
 10 ACCCGATTTT TAAATCATTT ATTGAAGCTT CATTAAAATA TCAACAAAAT AAATAAATTT 1560  
 GCTAATAAAA CCGGTACTTT CATTGTAAA CATTGAAAGT ACCGGTTnT CGTATAATTT 1620  
 15 TAATATTATG TTAGTGACAA GGTATGAAAT AACAATAGTG ACTTTTATAA TTCTAAGTCT 1680  
 CTTGTCATTT CAATCATTG TGTATAAATG TCATAGTATA CATAATTCAA TGCCATCGCA 1740  
 TGTGGTyGGA CAATCTTATC GTAATCTTCA GTGTAGACTA TAGGTcTTGG TGTAGATAAA 1800  
 20 TCGATAAAAT GTACGAGATG ATCAGGGAAA TCATCTGTTT TAGGTTTGTT GCTTATTAAG 1860  
 ACCACATCGA TATCTAAGTC GATAAGTTTT TGAATATCTA ATGCAACTTG ATyATTATAA 1920  
 AATGGTGCGA ATAATAATAC ACGATCAGTT GAGTCAATTT CTTTAAwkTC TTTAATAGCG 1980  
 25 TaAGTTTnCG GCTAG 1995

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 638:

30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1107 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

35

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 638:

40 ATTAGTGATG AAAGTCAGAT TGAAGCTTTA TTAACAGCTG AAAAATATTC AGAAATGATT 60  
 GGTGAATAAT CACCGTGTAAT CTCCTTAATC TAAGATTGAG GAGTTTATTT TTAGTCTGAG 120  
 AAAATAAATG ATATGAAAGA AAAATTATTA GGTACTATTA TTTGGAGTAT TGCTACATTT 180  
 45 TATTATTCAA GAATGATGGA AATAATGAAT TTAGCTATTT TAAAAATAAA AATTGGGGGA 240  
 AGTTAATATG CTAAACATTC AAGACGTTAn CATnCTTTCT AAAAAGGAGC AAAAAGCATA 300  
 TAACCGTTTC GTAGAATCTG TAGAAAACGG TAATTTACCA GTACTACCAT GTATTGAAAT 360  
 50 GGATCTAAAA GAGATGCAAG AAGAAACATT AAACCAGAGT AAGATTGGTG GAATGCCATT 420  
 TTTAAAATCT TTTAAAGATA TACCATTAGA TGAAAATAAT GTACCAATGG TATTGCTAGC 480  
 ACAGATTAAT TTGGATGATC TTCCAGAACA ACAAGAATTA TTTCCTGTAA AAGAAGGGAT 540  
 55

AAACAATATA AACTCAAGGC TTGTTTATAT AAAAGAGCCA ATTACAGATT TATCACTCGA 660  
 AAATATTCAA GCGCATTGGA AGTCATTAGA TGCTGATAAT GAGGATATCC CGTTCAGTGG 720  
 5 AGCATTTTCT ATAGAATTGA GATTGTCGAA ACAAACTATT ACATGTACTG ATTATAAGTA 780  
 CGATGAGGAC GTGCTTGCAT TGTGGAATAA AGTCAATCCA TCCTTCGCGC TAAAATCAAT 840  
 GTTTGGTGGT TATGATGAAT TGATGGAACC TGTGTGTAmC AywTTTACTG CTAAGgAACC 900  
 10 ATTTAATCAA CTTGGTGGTT ATCCATATTT TGACCAAATA GATCCAAGAA CGAACGATcA 960  
 AGAACTGAAA ATGTATGATA GAGTCTTACT GCAAATTGaT TCTACAAGAG ATGGTAATTC 1020  
 15 TTCGATTATa TGGGGTGaTT TAGGTATTGc CAATATCtTA GTGaAATCTA CTGrACCTTG 1080  
 aGGcTATGaa GTTTTGAATG ATTACCT 1107

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 639:

- 20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 904 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 639:

30 ATTCATATTA TTATAAATTA TTTCTACACC ATCCCAATTG AGTTGTTTTT CATAATTTAA 60  
 ATGTAATTCC ACTAACTCCC TACCAATTTC AACAAATCCA TATACATCCT TTAATATCGG 120  
 TATTCGCGGA AAACCTTTAC TCAAATCACT TGAATATTTG TTCACATAAT ATTTATGATG 180  
 35 CAAAATTGCA TATATATAAT ATACTATCTC TTCTGAATTA AGATTTATTT TCTTTTAAA 240  
 AGAATTAGgA AATATTATCT ACaRGCTCA AACTATCTTT ACCTTTGcAT GTAGCAAAGC 300  
 CTTkGCCATT ACCAATAAAc TGGAAATTAG GTAATATGTC CGTGATCATA GCCGAGAATT 360  
 40 CTTTATTCAT TCCCTGTCCT TGTATATAAA TCACCTGTCC AGTATTCTCC ATTATATTAT 420  
 AATATCTACT TGGCATTTC CATAATATTT TGTCGTACAC TATCCATTTT TTTGTAAATG 480  
 GTCTATGCAT AAATTTAACA ATTCTCTCTG GATTAATTGA AATATTTTTT CCTTTAGAAA 540  
 45 ATTTTTGGGT AAGTCCTCGT GTCCAACTaA TaAATGTTTC ATCTTTGTTC ACTAAATTTA 600  
 TACGTTCTCT TGAATCTAAG ATATCAATTA ATCTATCTAT TTCAGAATTA TAGTTATCTA 660  
 50 CAAGTAATTT TGcATTTACT AATGCTTTTT CATTCGAAAA ATTTGTTACC CAATTATCTC 720  
 TTGCTGaATT TACTCCATTA AATkGAKCTA AATATATAGA ATTTTCAATA TCCTTGGAAT 780  
 CATAATTGG TAAATAATTC CCCATAGTTT ATGTCTCGGT GATTAATCCA ATCATTGGGG 840

AAAG

904

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 640:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 436 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 640:

15	CGATGTCTTT ACTATTAGAC TTAGCCATTG GTTTCACCTC TCCAAAAATT GTAAATGTGT	60
	ATCATCAATA TGAAAGTTAC ATAAACTGA CATATTTCTT TAAAATATCA ACGCCATTGA	120
	TAACTTCCTG TTTTAATTGA TACGCTGTAA CAAAATACTA TAGTTAGTGC TTACATGTAT	180
20	ATGTTAAAGC AAGCAGTGGT AAATGTAAAT TATAATTATT CATTAACTTT GCAATATATT	240
	AAATCTTTTA TTCATAGAAG ATAAATATCA AATCAATCAT AATTATTTGA CAACAAATAG	300
	CTAACGATTG TTTTAATCTA CATTTGGCTT ATAGCATTTT AAACCTATAC TCTATTTTGA	360
25	TACAATATAA GTGTAAAATC AATCATAAAA AGGATATTCA ATATCTGCAT CCAAGAAAAA	420
	CATTACAATT ACCTTT	436

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 641:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 442 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 641:

40	GTTATTAAAT TCAGAGTGGT AGCAAATTAA AGTTAATCAA GAGTTAAGAT GAATTTAATT	60
	CATGAACACG TCTATTATTT TTATAATTGT AGCAAATAAA GCTTTACATC AAGGAGGTAA	120
	TTAAATATGT TCAAAAAATA TGAATCAAAA AATTCAATCG TATTAAAATC TATTCTATCG	180
45	CTAGGTATCA TCTATGGGGG AACATTTGGA ATATATCCAA AAGCAGACGC GTCAACACAA	240
	AATTCCTCAA GTGTACAAGA TAAACAATTA CAAAAGTTG AAGAAGTACC AAATAATTCA	300
50	GAAAAAGCTT TGGTTAAAAA ACTTTACGAT AGATACAGCA AGGATACAAT AAATGGAAAA	360
	TCTAATAAAT CTAGGAATTG GGTATTATCA GAGAGACCTT TAAATGAAAA CCAAGTTCGT	420
	ATACATTTAG AAGGAACATA CA	442

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2472 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 642:

10	CCAATTTTGG TATGAATTAT ACAGATAATT CnGCGCCCGG AGGATCATTT GCTTATTTAA	60
	ATCAATTCGG TGTGGATAAA TGGATGAATG AAGGGTATAT GGCATAAGGA GAACATTTTA	120
15	ACTACTGCCA ATAACGGAAG ATATATTTAT CAAGCTGGAA CTTCATTAGC CACACCTAAA	180
	GTTTCGGGAG CACTAGCTTT AATCATTGAT AAATATCATC TTGAAAAACA TCCAGATAAA	240
	GCGATTGAAT TGTTATATCA GCATGGGACA TCTAAGAATA ATAAACCATT TAGTAGATAT	300
20	GGGCATGGTG AGCTTGATGT GTATAAAGCA TTAAATGTAG CAAATCAAAA AGCAAGTTAA	360
	TAAATCAAAG GAGTTTTTGA TTATGGCAAA ATTAGTTACT GAAAACATTT CGAAGCGGTT	420
	TAAAAATCAA GATGTATTAA AGCATATTAA TATCACTTTA GAAAATAACG AAGTTTATGG	480
25	ATTACTTGGT ATTAATGGAG CCGGTAAAAC GACACTTATG AAAATTATAT GTGGCATACT	540
	TCAACAAGAT TCAGGGGAAA TTAAATTAGA TAATAGACCA ATGACACGAA ATGATTTGCA	600
	CAAAGTTGGT TCGCTTATTG AAACACCTGC GACATATAAT CATTTAAGTG CACAAGATAA	660
30	TTTGAAAATT GTGTGTTTAA ATGAAAGCGT TGATTTCaGC GAAATTAATA GTGTTTTAAG	720
	CTTAGTCAAT TTAAATGTCG ATAAAAAGAA AAAGGTTAAG GACTTTTCTT TAGGTATGAA	780
35	ACAAAGACTT GGAATTGCAA TGGCaTTAAT TAAAAaGCCA GAAATTTTAG TATTAGACGA	840
	ACCATCTAAT GGTTTAGACC CATATGGAAT CCAAGAACTT AGAGAACTTC TAAAATTATT	900
	AACAGAACAA GGTACTAGTA TTATTATTTT AAGTCACATT TTATCTGAAA TCCAAGTTTT	960
40	AGCAGATCAT ATCGGTATTA TTCATGAGGG TGAGCTAAAA TATCAGCAAA GAAATAACAA	1020
	AGATGAAAAC TTAGAAGAGA TATTCTTCAA AATAACGAAA GGTGATTACA AATGATACAT	1080
	TTAAAGATaG AAGGTATCAA ATTTAAAAAt TCTTTCAGTA TGTATGTTTT ATTAATAAGT	1140
45	CcGcTGGTAT TTCTTTGTTT TGCTATTTTC ACAGTCTTAT TCGCCAAAAG TAATACGGGA	1200
	ACAGCGAATA GTGTGTCACC ATATATAACT TTACTATTTA ATATTTGGCC AATTGCTTTC	1260
50	ATCCCGATTG TATTATGTAT GGCTTGTAAT TCGTTATTTA AAATTGAAAT GAGAAATAAA	1320
	TCATTTAATT ATTACTTAAG TAATAATTGG TCGATTACAA AAGAAATAAG AGCAAAGATT	1380
55	TTCATTTTAT CAATAGCATT TTGGGTACAT TGCTTTTTAG TATTTATTAT TGCTTATATA	1440

TTGATGTATG TAGTATCTCT ACCATTGATA CCGCTCAACT TTTTATTAAC TCGATACTTT 1560  
 GGTGTGTTTCG TATCAATATT AATAAACTTA GTATTATCAG TCATTTGTGT CTTGTTTTTA 1620  
 5 ACATTGAAGA GTTTATTTTG GGTGTTGCCG TGGGGGATAA TGCAGAGAAT CCCGCTTATT 1680  
 ACGCTTGGTA TACTACCTAA TGGcTTAGTT GTAAACCATA ATTCAAAATA CTTTAATGAT 1740  
 10 CTCAATGCCT TATATATTTT GATTATTGTT AGCATCATT A TTTTCGCGAT AGTAACATTT 1800  
 TTAAATAATA AGAAAAGTTG GCGATTAAAA TGATAATTAA CGAATTAAAG TCATGTAAGT 1860  
 TGAAATTTTC TAAGCAAGCG CTCACATTG TACCCATTAT TGTAACCATA TTGTTTATAT 1920  
 15 TATTTATAAA TTGGTATTTA AACGTAAATT TATGGAATGG TCGACAAATm AGTTTGTTTA 1980  
 CAGCGAGTTT TAATGCAATT ACATCGCTAT TAATTTCTAT AAACGTCTAT CAAGTTATCA 2040  
 ATTTTGAAGA AAATATTGGT CACTTTAATC ATATTTTAGG AAAAGCTAAT AGGCTAAATT 2100  
 20 GGTAAATGC ATCAATGATT TTTACTTATA CTATTACAGC CATATGTATT CTATTAGCAT 2160  
 CAATTAATTT ATTGTGGCAT TCACATGATA TGAAAATAAC ACTTATGTTT ATAGGcGTaT 2220  
 CATTGTTTTT CAATGTaATT ATATTACTGC TACTTTTTAT TTTTAGTATT TTCATTAAAG 2280  
 25 ATGTAATGGC TATTGTTGTC GGAGTTTTAA TGTTTATTTT TAACGTTTAT TTTGGATTAG 2340  
 AAGTGCTTGG AGATCATTCG TGGTTCTATT TACCAATCAC ATATGCTACA CGTTACGTTT 2400  
 ATATGTTTAn CGAAGGGGAG TATACCAGTT ACATTAACAT TGGGCAATCT ATATnATTAT 2460  
 30 CACGnTGCCG AT 2472

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 643:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 646 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

40

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 643:

45 ATAATATAGG AATTATTTTCG ATnACAGATT TTACGAATCG TGCTACGATG CAAAATGAAn 60  
 ATAAAGATCC ATATGGCGAA AAGTTAGCTT ATGGAATTGC TTTTAATGGC AGTGTGGATA 120  
 TGCAAGGGGA TAAACAAGTC ACAATTCCAA AATATAGTGT AGTTACAATT ACTGGCGAAA 180  
 50 ATAGTAAAAA TTATCGTGTT ACCGCCGATA ATAAGACTTA CTATGTTAGT AAAGATAAAT 240  
 TAGAATATTT TAACCCGGCA GGTTTATATC AAACGCATAG TTTTAAAAA TTAGCACCAT 300  
 ATATGAAATC AAATTATAGT AATTACTATG CATACTTTAA TAGTCAATTA CATAAAAAGC 360

55



CACAACAACC GATACAATTA CTTTTCATG ATAATAATCA GTTATACGGT TTTGTTTATC 480  
 CAATTGTAGA TAAAAAGAA TTAAAGATA AGTTTAATAT TAACAATAAC ATTTGGATTA 540  
 5 CTAAAGTTGG GAATGGATAT TGTATTGCCA ATTTGAAAGA AGACAAATGG ATTTATATTG 600  
 AATTGTAGGT GTAAAGATGC TAGATAATAT TATTTTATAT TTAA 646

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 644:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 426 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 644:

20 TAATATCGGA ATTTGATAAT GAAGATATCT AATTTTTTAA TATTCGTAGC TTTTATTTT 60  
 CTACTTATTT TATGTTTATT TTTAATCTTA CAAATGACAA ACCATTAAAA GTAGCATCCC 120  
 AACATCAAAC AAAAAACAA TTCATCAAAT AAAATCGCT ACAAACCAA GTCATTAAAC 180  
 25 ACGCAATAAT TAAATTTTC CACTCATTAT AATTCTGAAT TCCAAATGTC GAATTCCGAA 240  
 AACCAAATC CAAATTCCAA AAACGCAACT CCAAATTAA AAGCATTTC CTACCATTCC 300  
 GGAAATGCTT TTTACATACT GgATTACTCT GTCATTAATG ATTTTACAAC GGgAAACCAT 360  
 30 GTCGtCATGT ATGACCaaAG TAGCGTCGCT AtCaTaAgGt GGTTCGGATC TTTATTGGAT 420  
 AATnAT 426

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 645:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 3241 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 40 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 645:

45 nTTATTTACC CACAACATGT TGCGACATTA GGTAAATGGG TACCTTATTT ACTTGGTATT 60  
 GTTATGTTAG GTATGGGATT AACAATTACA CCTAATGATT TCAAAATGGT CTTTAAAGCA 120  
 CCTAGAGCAG TAATTATTGG TGTCTGTCTA CAATTCAGTA TTATGCCAC ATTAGCATTT 180  
 50 ATAATTGCAA AGTCTTTTCA TTTACCACCT GATATTGCTG TTGGCGTAAT ATTAGTTGGA 240  
 TGTGTCCGG GTGGGACATC AAGTAATGTA ATGAGTTATT TAGCCAAAGC TAACGTAGCA 300

	ATATATCTAT TTGCAAATGA ATGGTTGGAA GTATCTTTTCG TGAGTATGTT GTGGTCAGTT	420
	GTTCAAGTTG TATTAATTCC AATTGCTTTA GGTATTGTTT TGCAAATTAT TAATCGTAAA	480
5	ATTGCTGAAA AAGCTTCTAC AGCTTTGCCA ATTATATCAG TTGTTGCTAT TTCATTAATT	540
	TTAGCAATAG TTGTAGGTGG CAGTAAGCAC CAAATCTTAA CTACAGGATT ATTAATATTT	600
	TTAGTAGTTA TTTTACATAA CGTATTAGGG TATACGATTG GATATTGGTT AGCTCGTCTT	660
10	TTAAAATTAG ATCGACAAGA TCAAAAAGCA GTCAGTATTG AAGTTGGAAT GCAGAACTCT	720
	GGTTTAGCTG TGTCATTAGC aGCATTGCAT TTTAATCCAA TTGCAGCAGT ACCAGGCGCA	780
	GTGTTTAGTT TCATTCATAA TATAACAGGG CCTATTTTAG CAAAGTATTG GTCAAAAAG	840
15	TTATAATTGC ACTAATAGAA TGAAGTGGTC ATCGGACTAT GTTAAGCTTT GATAAAGAGA	900
	AAAAATAGAG GAGTAAATAT ATGTATAGAG CAGTTATATT TGATTTTCGAT GGAACAATAA	960
20	TAGATACGGA ACAACATTTA TTTAATGTTA TTAATAAACA TTTAGAGATG CATAATGCCG	1020
	ATCCTATAAG CATTGATTTT TATCGTTCTT CTATTGGAGG AGCAGCTACA GATTTGCATG	1080
	ACCATTTAAT TAAAGCGATT GGTTTCGGAAA ATAAAGATAA ACTTTATGAA GAACATCATC	1140
25	TTACTAGTAC AACATTACCG ATGATTGATA CGATTAnATC ATTGATGGCA TTTTTAAAGC	1200
	AACGTCACAT TCCTATGGCA ATTGCCACAA GTAGTGTGAA AGCGGAAATA ATGCCCACCT	1260
	TTAAAGCATT AGGTCTAGAC GATTATATAG AGGTAGTTGT TGGTAGAGAm GATGTTGAAC	1320
30	AAGTTAAACC TGACCCTGAA TTATATTTAT CTGCAGTACA ACAATTAAAT TATATGCCGA	1380
	CACAATGTTT GGCTATTGAA GATTCTGTAA ATGGTGCAAC AGCCGCGATT GCAGCTGGAT	1440
	TAGATGTTAT TGTTAATACG AATAAAATGA CAAGCGCACA GGACTTTTCT AATGTAGATT	1500
35	ATGTAGCAAA AGATATTGAT TACGATCAAA TTGTAGCGCG TTTCTTTACG AAATAGGAGG	1560
	CGTATCATGA TGGGTTACAT TATATTGTTT TTTCTAGCTG GTCCAGTAAT TTTAGGCGTT	1620
40	GGAAATTTGG TGATTGGTCC TATATTTAAC AAACAGACAC CATTTGCGGT GCAAGTAAGA	1680
	TCTTTTGTTG kTGgkTCmAT GrTTTACTTA ATACTCGCAA CAATTGGCTA TTTTTTACTA	1740
	TTACAAGGTA AACTTTAACG AGAAAACCAC CTTACCTCAT TAAATGGACG ACCATATGTA	1800
45	TGTGAAATGG TAGAACGTTT ATGTTTATGT ATGAGATAGG GTGGTTTAAA TAGTTACATA	1860
	TATTTTAATA ATAACGTCAC GATGATAAGT ACAATTAAGA TAATATCTAT GCCTACCATA	1920
	ATTGTAGCTC TTGTTGCAIT ACTTCCTTGT TCTTTTGCTG ATTTTCATAGC ACGGTAGTTT	1980
50	GGCACAAAGC TAATAATTAG TAAGATTAAT ACAATTACAC CAATTAATGC TGTGTGCATG	2040
	ATGAACGACC TCCTTTATTT TTTTCAATCA ATTCCCAAAT AAACGTAGCA ATCACACCGA	2100

55

CAATAATTAA TGCAATCGGT AAAGTCGTAC CGAGTTTAAT CTTGCGCTCT GGAGAATTAA 2220  
 TAATAGTAAA TACTGTAAGA CAAATGAGTA TGAAAGCAAG TGTGCAATA ATAGTTCTTC 2280  
 5 CAACTAAATA TAGGATGTCA GGTTTTCCA TACCGATATA ATTTATGATG AAAAATGCTA 2340  
 CAGCAAAGAG TACCGATATT TTTGTAGCAC GTAGCAGTAT TTGTTTAAAC ATTGATATAC 2400  
 TCCTTTTAA TATTATTAAA ATTATATCAT AATTACCAAG AATAGCTGAA GTTGTATGTG 2460  
 10 ACTCAACGGT ACTTGAGCAA CTTTTTAAAT TTTTAGAAA AATCACAAAA TAATTGTTTG 2520  
 CAAAGTTGCA AAAGCCTGCT ATAGTAGTTC TGTAACGAT TGCATGGTAT GCAAATATTA 2580  
 ATGTACCAA ATCGATAATT TATAGTATAA TTACGGCAAT AAGTTTTTTT ATGGATTTAT 2640  
 15 TTAGTATCAA TCAGAGATGG GGTAAGAAGT TATGGAGAAC AATGAACACT AAAGGGGATT 2700  
 GAGTGCCCGT CAAATTCAAA TGATTGCACT TGGTGGTACG ATTGGCGTGG GGCTTTTCAT 2760  
 GGGTGCGACA AGTACAATTA AATGGACAGG CCCATCAGTT ATCCTTGCAT ATTTAATTGC 2820  
 20 GGGTATCTTT TTATTTTAA TCATGAGAGC AATGGGGGAA ATGATTTATT TAAACCCTAC 2880  
 AACAGGATCA TTTGCAACAT TTGCAAGTGA TTATATACAT CCTGCAGCAG GTTATATGAC 2940  
 AGCATGGAGT AATATATTCC AATGGATTGT AGTTGGTATG AGTGAGGTCA TCGCAGTAGG 3000  
 AGAATATATG AAGTTTTGGT TCCCGGAATT GCCAACTTGG ATTCCTGGTG TTATTGCTAT 3060  
 TTTATTATTA ATGGCAGCGA ATTTATTCTC GGTAAAAGCG TTTGGAGAAT TTGAATTTTG 3120  
 30 GTTTGCTTTA ATTAAAGTTG TAACAATTAT TTTAATGATT ATTGCTGGTT TTGGTCTTAT 3180  
 nTCTnTGGT TTTGGAAATG GTGGCCATGC GGTAGGTATT TCTAATCTAT GGACAAATGG 3240  
 C 3241

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 646:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1311 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 40 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 646:

AGGCGTCAAC TCAGATGGTT TAATAATTGC CGTATTACCT GCTGCAATAG CACCGATTAA 60  
 AGGTcGAaC ACTAGTtGAA AAGGATAGTT AAATGGTGCA ATGATCAAAA CTGTTCCATA 120  
 50 AGGTTCTTTT TTGATATAGC TTTTGTGG AAATAAATAT AAAGGTGTGT CTACATTkTT 180  
 TGTTTTAGTC CAGTTTTTAA GTTCcTTACG GGCAATTTTG ATACTTyTCA AAGTTATGCC 240

55

	AATATCGCTC TCGTATGATT TAATAGCTTT GCTTAACTTC TTTAATTGCT CTTTTCTAAA	360
	ACTAATATCT TTAGTTTGTT GTGTATTGAA AAAAGCTTTA CTGTCATAAA ATTTTGTCTC	420
5	AATGATATTC ATAATGAAAA GAACCTCCTT ATATGATTAT TTTGGAAAAA GCGATTAATT	480
	GATTTGAATG TTGTGGCCGT TAATTTTAAA TGGTCTTTCG AATTATATAT GTTGAAAGTT	540
	GAAAATAGAG CGATGAATCG TGTACATAAT AATATTTATA ACTTTAATCA TAACGAAAAA	600
10	GGTAGGAAGA AAACAAAAAT TTATACTCAA CATCGCAAAT ATTTTAAGAA AATGTAAAGA	660
	CAAAAGGGGA ATTGTATAGA AATCACTAAT CTGTGGGTTA GGGTAGCTAA AGGAATAAAA	720
	ACTACTATTG AAAAAGGGTT GTAAATTAGT CAAACGTAAA TAAAAACAG TTCATTGAAA	780
15	GTGAAATAAA TTCTACTTTA ATGAACTGTT AGTTAAATAC AACATGTCTA TAATTAGACA	840
	GTAATATAGT ATTATTTTGT TAATGCTTCA GTGATTTGAG GTACGATTTG TTTTTTTCGA	900
20	GAAACGACAC CAGATAAGAA GGCCATGTCA TCTTCTAATT GAACATTGAA TGtTCGCCAA	960
	CTTTATCTTT TTCAGCACCT ACAACTAAAA TTTTAGAATC ACTATTAATG ATGTCAGTAA	1020
	CAACAAGTAC AAATAAGTCA TATTTTTCTT GTGCACTTAC AGCTAACATT TCTTTTTCTA	1080
25	rATCTTCTTT ACGATTTAAC ACTTCGTCAA GGTCAACAGC ATTAACCTGT GCAATACGAG	1140
	TCACATAGTC ACCCATAGTA AATGATTTAG CATCCATGTT TAATAAGAAT TCAACTGATT	1200
	TATCAGTTGT TGAAGCACCT GCTTTtAACA TATCTAAGCC GTACTTTTGA ATATCAACTT	1260
30	TAGCAATATC TTTnAATTCT tCAGCTGCTT TAACATCTTG TTGTGTACAT G	1311

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 647:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- |    |                             |
|----|-----------------------------|
| 35 | (A) LENGTH: 1498 base pairs |
|    | (B) TYPE: nucleic acid      |
|    | (C) STRANDEDNESS: double    |
|    | (D) TOPOLOGY: linear        |

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 647:

	CATATACTTT TTCATTTCTT TACGAGATAC TTTACCAGAG GATTTAGACT TCATACGCTG	60
45	ATCCATATGT GCTTGCGTTT CAGaATGTCC ACAAACACAA CGATATACCG CTTCTTTCCC	120
	TTTACCAAAC AACGTTAATT TCTTTTTTACA GTTTGGACAT CTTGCATTTG TTTTGGCGCTG	180
	TACATTCTTT TTCGTCTTAC AAGATGGATC TTGGCACACA AGCATCTGAC CATTTTTAGT	240
50	TTTAACTTTA ATCATGAATT TACCACACGT TGGGCATTCT GTGGTTGTTA AATTATCGTG	300
	TTTATATTTA CGATCACTAT TTTTAATCCC ATTTACAACA TCTTTCGTAA AATCTTTCAT	360

CCATTGTGcA GTTAAAAGTG GCGACGTAA TTCTTCTGGT GCTAATTCTA ATATTGTTT 480  
 ACCTTTTGAC GTTACTTTAA TTTTACCGTC TCTTGATTCA ATGGCATTCA TATTAAATAA 540  
 5 TTTATCGATA ATGTCGGCCC TTGTTGCAAC TGTGCCGATA CCACCTGTTT GTTTTAAAGT 600  
 TTGCGCATAT TTTTATCCT TCAATTGAAT AAAGTTCTGA GGGTTCTCCA TCGCTTTTAA 660  
 TAACGAACCT TCATTAAAT ATTCTGGAGG TGTGTTTCA TGTCTCTAA TATTGTTTT 720  
 10 TGAAATCTTC ACTTCATCGC CTTCTGAAAA AGGCTGTTGC ATCTCTGTAA TAGATTCACC 780  
 TTGTCTAATA GATTTAAAC CTAAACAGT TGTTACATTC TCTTTCAAAA CAAATGTGTG 840  
 15 CCCTGCAACC TCTAAAGTTA CAGTTATCGC GTCATACTCG TGCGGAGGCA TTAAAGCTTC 900  
 TAAAAACGC TCGACAATCA TATCGTATAA CTTTAATTCT CTATTACTTA AGTCTGACAT 960  
 GACAGGTCTC ACTTCTGTAG GAATAATTGC ATGGTGATCA GATACTTTTT GATTATTAAA 1020  
 20 TATCGACATT TTTGATGAAA ATGTTTTAGA CATTAATGGG CGTGCTTGGT CTTTATATGT 1080  
 TGTGCCATC GTCACCTGAA TACGTTCTTT CATAGTATCT ACCATATCAG TTGTTAAATA 1140  
 GTTTGAATCT GTTCTTGGAT AGGTTACGAC TTTATGTCTC TCATATAAGC TTTGAAGTGT 1200  
 25 ATTCAATGTT TCTTTAGGTC CAATTTTATA ACGTCTATAC ATATCTTGTT GTAAATCTGT 1260  
 TAAATTGTAC AGTGATTGCG GATACGACTT CTTATGTTTA GTAGCAACAG ATTTAATCTT 1320  
 30 ACCATCGACA TTTTCAAAT TATTAACCAT CTGTTCTAAA GTTTCTTTAw TGGtATATCG 1380  
 CTGATTTGaw TCTAGCTGAA AATCAAACCC TTTTACCGTT AATGATAATG TAAAGTATTG 1440  
 TTGTGGnTTG AACTGATTAA TCTCTTGTTG GTCGTGTAAT TACTAAATT GAAACGGn 1498

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 648:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1044 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 40 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 648:

TAAAACAATT CGTTTTATTA ATACAGTTTG TAAAAGTATT CTCTTAGTAC TAATAGCTAA 60  
 TGTAATGATA GAAAATACTA GTGTTATTAA AGATTTGAAT AAAATAAAAG AAAGTGAAG 120  
 50 ATATTGGAAT GTATTAGATG ATTATTACAC GATTGAATTT GCACCTTATC ACGAAACAAA 180  
 ACAAAGTTTG ATTGATAATA TGGTGCGATC AGAACAATTA GTAAAGGCTA GTGAAGCAGA 240  
 AAATAATGCG ATTTTATTCA AACCAAAGGG TGAATCCGTT GACAATGACA ACTTTTCGCC 300

55

TCAACCTGAT ATTCCGATAA AAAATCAAAA AAATAATGTC GAAGTAATTA TTCCACAAAA 420  
 GTTTCATGCA ATGCGTAATG AAATCAATCA AGCATATCAT TCATGGTTTG AATTTGTACA 480  
 5 AAATAAAAAT AATAAGAGA ATAAGTTATC TATACAGTTT ATCAACAAAA ATGATTGTCTG 540  
 AATTTTTTCA TTTGATGCAC GAGATAGTCG CCATTTGTCA TTTATAGAGG CGCCAATCAT 600  
 TGTGAATGTT CAGGCATCAG ATTTATCGaA TGATTTtAT TATGCCATGa TCaGTCaAGG 660  
 10 CGGGTATTTa TTCaAAAATT ATGaCGCGCT AGTAAAAAAT ATTGGAAAAG TATCCATCTT 720  
 GATGGGGAAA TCCAGTGGAA TAACCAATTA TAAAGATAGC GTGATGGAAA TGTATCATGA 780  
 AAACAATTTG AAATTAACAG TACTCAACTT TTCACAAATC ATTATCGCAA TCATTTTAAT 840  
 15 AATTATTATT TTATTTGATG TGAAATATTA TTTTGAACAG CATCGAAAAT TACTCGTAAT 900  
 CAAAAGCTA TATGGTTATT CAACATTAAG AGCCAATTAC CAATACTTAT TAATAAATAA 960  
 20 TATAGTTGTT ATTTTATTG GAATATTGAC GAATGTAATT TTACATTCTC ACTATATAAT 1020  
 GATGTTATTT GCAACGATTC TTGT 1044

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 649:

25 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 399 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 30 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 649:

35 GAACATATTG GGTTATGCAA GGnGGTCACT CTTCACACTT ATAAACAACA TTTTAATAAT 60  
 GTAAAGTTTA ACCAGCTAAC ACTTTTGTTA GCTGGTTTTT ATTTTCCTTC AATTTTTTAAA 120  
 TGGTTAAGTC CCCTTCTATA TCTTATAAGA CAATCATTAT AATCAATTCA ATTAATACAT 180  
 40 TAACAACCAC AACTAATAAA TATAGTAACT TCAAAATCCA TATTTATGTC TAAAGATAAT 240  
 CTCAATGTTG TTCACGTCAA TAAAATTATC CCTAGGTTTT TAAAATTGT ACATGTTTAA 300  
 ACAATCAAAA GTGTACATTA TTAAATTATC ATTTCCAGTT AGATTTAGAA AACATTCACA 360  
 45 CCACGCATGG ACCAACGTAT TCGTCTTcAT TcATTTTAG 399

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 650:

50 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 747 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 55 (D) TOPOLOGY: linear



## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 650:

	GTACTAGGTT CTAGATTCC CTACTGTAGT CATAGATATT TTCCAAACAG AGCCTGACAA	60
5	CTTTTCATTT TTAATAGTGA TCACTATATT AATCGCTATT GCAATTTATG CATGTCGATT	120
	TGTTTGGGTT TATTTCTGGT ACAAAGATTT TTATTTCCCG AAAAATATAC AATCTTATCT	180
	AGACGAGGAA CATGATTCAC ATGAAACACC ACCTTCTCGA GTGCGTTACG CATTTATTAT	240
10	GACCATGTGT GGTATTCACG GTACAATTTC ACTTTCAATG GCACTTACAT TACCATTAT	300
	CATTACAAAA GGACAAGCAT TCGAATACCG TAATGATTTA TTGTTTATTG CATCTTTCAT	360
	GGTATTAATT AGTTTAATCT TAGCGCAAAT TGTTTTACCT TTAATTACAC CATCTGCCGA	420
15	AGATACTACT TTAAAGGTA TGACTIONTCA ATCTGCCAAA ATTTTCATTG TTCAAAAAGT	480
	GATCCAGCAT TTAAAAACG AAAGTAAAAA AGACAAAAAC GATACAAATT ATCGCCCAGT	540
20	ATTAAACCAA TACTATGGAG AATTGTTATT TTTATTAAAT TCAGAACCTG ATAATCAAAA	600
	TACrAAAGAA CTCAAACGTT TAGAAGATAT TGCaAAAGTA ATCGAAACAT CTACACTTGA	660
	GCGTTTAATT GATAAAGGTA AGGCAACATA TCAGGATATT AATAATTACC GCAATATTGT	720
25	CGAATTAACA GAGACACACC GTACTGC	747

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 651:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

30	(A) LENGTH: 1373 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 651:

	ATACAATACT CTTTTATTAT TCAATAAGCC ACTTCCTATA GCAAATGTTT AACTTTAAAT	60
40	ATTTTTCGAT GCTAACAAAA AATCACACTA TCATCTTTTA AAATGAAAGT GTGATTACAA	120
	GCAAATCTGT AAAATTTATA AAGCAGAAAC AATTCAACTT TATCATTATG ACATTTCAAT	180
	TAAACCTTCT ACATTATAGT TCCAAGCATC TTACACATGA ATGCAAGTAT TTAACGATTT	240
45	AATTGTGACA TAGCCTGTTG ATATTGTGTT TCATTGATAT AATTTTGTG CTTCATTTTT	300
	TCTAAGTTCG TGCTTACACG TTGCGTAAAA TTCTCTGACA TATTATTGAT ATTATATACG	360
	CTAGGTGCAT TGACTTTACT AGCTAAAATA GCGCTTTGTA AAAGTGTAT GTGAGACATT	420
50	GTTGTACTAT TTTTATTCAC GGTGTTCCA AAGTAATGGT TTGCTGCGCC CTCAAGCGTA	480
	TATTGATTAT CCCCAAAGTA AATATTATTT AAATAAAAGC TTAATAATTC GTTCTTATTA	540

55

TCATTATCAT AAAAATAATT TTTGACAACT TGTGTGTAA TGGTACTACC ACCTTGCACA 660  
 TCTCTGTCGC TAATCGTTGA AAATAAAGCT CTAGTTGTAC CTTTCAAATC GAATCCATGA 720  
 5 TGATTGTAGA ATCGTTCATC TTCCATTGAA ATAAAGGCAC CTTTAACATA CTCTGGCATG 780  
 TTATCAGCTG ACACAAAACCT ACTTTTATTT TCAATTTTTC TTAGTTCATC CACATTATCG 840  
 CGTGTAGATA AAAAATACAT GATACCAATA AACAATGCGA TAATGATTAG AATGGTTAAT 900  
 10 AATATTTTAA ATAGTATTCG TTTACTTTTT TTCTTTTTTCG GCGGTTTGCC AACTGGTTGA 960  
 TAATACGTAT TATAGTGAGG TTCGTGTTTC ATATGCTCAA AATGTTTCATT TGAGTTTGAG 1020  
 TACCTATCGC TTCTTTTCAT GCGTTTGCTC CTCTTTTAA AACTCACTTA GtATATACCT 1080  
 15 TGaGTTTACC AGTACTATCA CAAATAGGCT AACTTTTTTG GGAAAATCAG TCCAAGGGCT 1140  
 TACAATCGTA TACGCCATCA TACTTACTTT TTTGTTTTTT GAAAAAATTA TAGATAAATC 1200  
 20 ATTGCAATTT TAAATATTAA TCATGTCAA TATTGTTATA TTTTATAAAA ATAAAAGACC 1260  
 ATCCCTATTA AATGCCAATA GAGACGACCT TTTATTTGTT ATTCATTTAT TAAAACTAAA 1320  
 ATCCATATTT CATTTCAAAC GAAAATATAT AAATTTTAAC AATCGrTAAC CAC 1373

25 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 652:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 859 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 30 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

35 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 652:

GGCAGATAAT TTAGTCATTG TTGAATCGCC TGCAAAAGCA AnAACCATTG AAAAGTATTT 60  
 AGGTAAGAAA TATAAAGTTA TAGCTTCAAT GGGACACGTC AGAGACTTAC CAAGAAGTCA 120  
 40 AATGGGTGTC GACACTGAAG ATAATTACGA ACCAAAATAT ATAACAATAC GCGGAAAAGG 180  
 TCCTGTTGTA AAAGAATTGA AAAACATGC AAAAAAGCG AAAAACGTCT TTCTCGCAAG 240  
 TGACCCCGAC CGTGAAGGTG AAGCAATTGC TTGGCATTTA TCAAAAATTT TAGAGCTTGA 300  
 45 AGATTCTAAA GAAAATCGCG TTGTTTTCAA CGAAATAACT AAAGACGCTG TTAAAGAAAG 360  
 TTTTAAAAAT CCTAGAGAAA TTGAAATGAA CTTAGTCGAT GCACAACAAG CGCGTCGAAT 420  
 50 ATTAGATAGA TTAGTTGGCT ATAACATCTC GCCAGTTCTT TGGAAAAAAG TAAAAAAGG 480  
 GTTGTCAGCG GGTGAGTTC AATCTGTTaG CmTTCGTTTA GTCATTGACC GTGAAAATGA 540  
 nATTGAAAC TTAAACCAG AnGAATATTG GACTATTGAA GGAGAATTTA GATACAAAAA 600

aAAAGATGTT GAGAAAATTA CAGCTGCATT AGATGGAGAT CAATTCGAAA TTACAAACGT 720  
 GACTAAAAAA GAAAAAACGC GTAATCCAGC AAACCCATTT ACAACTTCTA CATTACAACA 780  
 5 AGAGGCGGcA CGTAAATTAA AcTTTmAAGC AAGAAAAACA ATGATGGTCG CACAACAATT 840  
 ATATGAAGGT ATAGATTTG 859

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 653:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 747 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 653:

20 TTCAACTTCG TTTGGAAATC ATGTTCTCA ATTGTTGGAC TTAAACGAAT TTCTTTAACA 60  
 TTGATAATTT TTTGTTTCTT TTTCATTTCT TTTTCTTTT TCTGTTGTTT GAATTTGAAT 120  
 TTACCGTAAT CCATAATTCT TGCAACTGGT GGTTCGCAT TCGGTGCAAC GACCACTAAG 180  
 25 TCTAAATCTA CACGTTTCAGC CATTTCTAAA GCTTCACGCT TTGATTTAAC ACCAATTTGT 240  
 TCACCATCTT GACCGATTAA ACGTAATTCT TTTGCACGAA TTTTGTCATT GATTTGAGTT 300  
 TGATCTTTTG CTATGGTTGA CACCTCCAAA ATTTTACGA AATTGTCACC AAGCAAAAAG 360  
 30 GAAGAGCAGG TATAAAATAC CCGCTCTTCC TTATACACAG TTATGTGTAA TGTGATTAAC 420  
 CTGCCAACTG CTTTATGCGT CGCTACAGGT GAGAAGCGGG TGCTTCTACT TGGTTCGTTT 480  
 35 CGTATTCAAC GTTATTAATC ATATCAACAA TTCACATTTA AGTCAACACT ATAAGTGTAA 540  
 TTATTTTAT TTTAACCTTT TATTTTCATCC ATTGACACGT CTTGACGTAA ATCTACTTGT 600  
 TCTAATGGAA TTTTTTTCGT TTTATATCGA AGCTTATGAT AAATAAAGAA TGCTAAAAAT 660  
 40 ACTGGAATTC CCATATACGT AATTAAGAAG CGACTAAAAT TAAAATCTCC TGTnTTAATA 720  
 AAGTCAACAT CTTGCCCAAn AAnTACT 747

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 654:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 501 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 654:

TTGTGCTTCT TTTTtagCTT CTTGAACCTC TTGTGCCTCT TGTGATGTAT CACTyAAATT 120  
 ATTTGCACTT GCTTCTTCTT TTATCGCTGC TTGTTGTGCT TTCAATGCCA CTGCTTTTGr 180  
 5 TTCtTyATTt GATACAGCCA CACTTTTATC CGCTTCTGCT TGTGCTTCTC TTTTAGCTTC 240  
 TTGAATCTCT TGTGCTTCTT GTGATGTATC ACTTAAATTA TTTGCACTTG CTTCTTCTTT 300  
 TATCGCTGCT TGTTGTGCCT TTAATGCCGC TTGCTCATTT TTAGATTGTG TTAAAAATCC 360  
 10 TTCAACACGT TCTTTTGTAT AGGCAACCGT TTCTTCAAGT TGCCTTTTTC TTTCTTCAAA 420  
 CTTTTGCGAC AGTTCTTGtn CTTTGACTTT nAAATCATCT GCTTTTTTGAT AAACTTTATT 480  
 15 TTAAAATACC AACCTAAAGC C 501

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 655:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 830 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 655:

CACCTTGTCa TAATTAAATT TTTGATTTTT CATTTTACTG ATAATAGGTT CAGCATTAAAT 60  
 CATGATTTAA CCTCCACAT TTAATCATTa ACTTCTATTA TATATGATTC ATATTAAATG 120  
 30 TCAGTCAAAA AAGTTAGAAA TTCATTTTAA TGCATTTATA TTTCGAAAAT CCCTTATGTA 180  
 TCTAAAAGCA TTTTTTAAAC TTGAATTTTA AAACACTAAA CAACACATAC GTCTCTGTGT 240  
 CATT TTCATT TTTTGTATGT CATATATATG TTTACTTCAT TTAAATCAAT TTCATCTTAT 300  
 AATTTATCGT GTATTTTACA AAAGATTGAC TTCAATTCAT CGTAAAAGTT ATACTTTTGC 360  
 CATT TTTTAA TGTAACATGG TGTTAGTAAT AAAAATAATA CATTGAGGTG TTTTACATGA 420  
 40 CAGCATTATT CCCTTATATC GCTTTTGAAA ATTCAAAGA AGCCCTTGCA TATTACGAAG 480  
 AAGTATTTGG TGCAACTGAC GTTAAACGTT TAGAAGTTGG CGAAGAACAA GCGTCACATT 540  
 TTGGTATGAC TAAGGAAGAA GCGCAAGAAG CAACTATGCA TGCTGAATTT GAAGTGCTTG 600  
 45 GCGTAAAAGT GTTATGTTCT GATTCTTTTG GTCGCGCTGA CAAAATTaAT AATGGCATAT 660  
 CATTATTAAT TGATTATGAT GTTAACAATA AGGAAGATGC TGATAAAGTT GAAGCATTCT 720  
 50 ATGAGCAAAT TAAAGATCAT TCTTCAATTG AAATAGAATT ACCGTTTGCT GACCAATTCT 780  
 GGGGTGGCAA AATGGGCGTC TTTACCGATA AATACGGTGT TCGTTGGATG 830

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 656:

(A) LENGTH: 539 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 656:

10	GTATCCATGG GCCCGTTnCG CACAACATTT GGnACAATTA GGTACACGnG TTGTCaTCGG	60
	TCGTTTCGGT ATAATTTTAT CGAATGaAGG CGGTGCGTTA CAAACAATGA AACTACCATA	120
	CGAATATTAC ATTGGTGGTA AATTAGGTTC TGGTCAACAA TGGTATTCAT GGATTCATAT	180
15	CAATGATTTA ATTCAAGCTA TTTTATTTTT AATAAATAAC GAGTCAGCTA GTGGTCCGTT	240
	TAATTTAACT GCACCTATAC CTGAACGTCA AAATTTATTT GGCTACACTT TAGCAAGAGC	300
	TATGCATAAG CCTCATGAAA CTTGGGCACC AAGTCTTGCA ATGCGTCTCA TACTTGGTCA	360
20	AATGTCAACA GTAGTATTGG ATACTCAAAA AGTATTACCT aATAAAATTC AAGCATTGGG	420
	aTTCCAATTT AAATATAGTA ATTTAAAAAT GGnACTTGAA GATTTAATTA AAGAATAATC	480
25	AATACCATTA ATGAGCATTA GAAACAACAT ATGTACTAAA TGTAATGTCT AGAGCGACT	539

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 657:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1106 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

30

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 657:

35	ATCAAGTTGA ATATCATCCA TATTTAACCC AACATAAATT GAxATTATAT TTGGCAGCAC	60
	AACGTATCGT gATGGaATCT TGGTCACCAT TGATGAATGC ACAAATTTTA AATGATGAGA	120
40	CAATTAAAGA CATTGCTCAA GAATTAGGAA AGTCACCTGC CCAAGTTGTT TTAAGATGGA	180
	ATGTGCAGCA TGCTGTGGTT ACAATCCCTA AATCGGTGAC ACCAAACAGA ATCTCTGAAA	240
45	ATTTCCAAAT ATTTGATTTT GAATTATCAG ATGAACAAAT GACGCGAATT GATGGTTTAA	300
	ATCAAGATAA GAGAATTGGA CCTGATCCAA AAAAATTTGA AGGCTAGATT AAAATCGCTC	360
	AACTGATGAA AAGGTTAGAT GAATTGTCAG GGCTTGGGAC ATTAAGTTCT TAGGCAATGT	420
50	AAAAAAGCTG ATTTCTATTA ATTATTTGAT AGAAATCAGC TTTTTTGATA TGTATTTTAT	480
	AATGTACAGC TCGTTGAGCT GCTATTTTCC TTATATTAAG TGCCATTAAT ACAAACCTA	540
55	GCTCTCGTTT AACTTTATTT AaTCCTCGAA CTGACGTTCT AGTTAAACCC AAAATAGCCT	600

CTGGTTCAGA AAGCTTTTGA TTAATTTGGA CTTTAAAGTA TTCCCAATTA TAATTCTTCA 720  
 TGATTtTCTT ATTGGATTTT GAATTTGGTT TCATGCATTG TTGCCTCAAA GAACATGCTG 780  
 5 AACAGTCATC GCATTCATAT AGTTTGAAGT CTCGTTTAAA ACCATATCTA TCATTACGGT 840  
 ATGCATATCT TTTAAACCT ATTCTTTTGT TATTAGGACA TATAAATTCA TCATTAAGTT 900  
 CGTCATATTT CCAATTTTGA GTGTCGAAAA TGTCACTTTT AAACTTTCTA GTTTTATCtT 960  
 10 TAATAACAT GCCATACGTA ATAAGTGGCG TTTTATTAAA ATCATCTATA ATGGCCATAT 1020  
 AGTTTTGGCT CACTACCCAT AACCTGGCAT CAGCTACCAA ATGAACCGAA GGGATTTTTG 1080  
 15 GAATCCATTG GTTGAAAAAA TGGGAA 1106

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 658:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 658:

TTTAACTTT ACTCTTTGAT TTAAAGAGTG ATAAATGTTT ACAGTTTAAT TAAAACTGCA 60  
 TAAGAACTTC TAGCTTTTCT CTTTCGTTCA AAGAGAAGCA GCTGTTGCA GTTTAATCAA 120  
 30 AACCACATAA AGCTTTTAAAC TTTACTCTTT GATTTAAGA GTGATAAATG TTTACAGTTT 180  
 AATTAAACT GCATAAGAAC TTCTAGCTTT TCTCTTTCGT TCAAAGAGAA GCAGCTGTTC 240  
 GCAGTTTAAT CAAAACCACA TAAAGCTTTT AACTTTACTC TTTGATTAA AGAGTGACAA 300  
 ATGTTTACAG TTTAATTAAA ACTGCATAAG AACTTCTAGC TTTTCTCTTT CGTTCAAAGA 360  
 GAAGTTCTAA TACCACCATA TCGTGCGATC GGGAACGGTA 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 659:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1899 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 659:

ATAATTACAA TGGCTACTGC AATTATTGTT GGAATTATAT ATTTCAAGTTT AGTCATCATT 60  
 TATGCTCCCT TGATTTCAAA TTCATATCAT TAGTTTACCA TATTGAAGAT GATATAATAA 120



	AAC TT TTA ACT	GAG CTT CAT G	GGG CACC AGG	TTT TGA AGA A	GAAG TAAAA A	ATT ATATG AC	240
	TCAG CAAAT G	GCG CCGTAC G	TAG ATGAATT	TATT GAAAAT	CGT ATGGGTG	GAT TTTT TGG	300
5	TGT GAAAAA A	TCT AAAAATC	CAA ATGCAAA	ACG TGTAATG	ATT GCAGCAC	ATAT GGaTGA	360
	AAT CGGATTT	ATG ATTACAA	ATAT CACTAA	AAAT GGAATG	ATT CAATTCA	CAA ATTTAGG	420
	TGG TGT TGCA	AAT GATATTT	GGC AAGGACA	ACG CTTAGTA	ATT AAAAATA	GAA ATGGCGA	480
10	TAAA ATTATC	GGT GTTGTTT	CTA ATATACC	TAA ACATTTT	CGT ACTGGTA	GTGA AGGTGC	540
	ACC GGAATT	AAAG ATTTAA	CATT AGATAT	AGG TGCTCAA	AAT GAAGATG	AGG TGCGTGA	600
15	gCG CGGAATA	GAT ATAGGAG	ATAC AATTGT	ACCT CACACG	CCATT CACAC	AGT TATCTGA	660
	ACAT CGATAT	AGT GCTAAAG	CAT GGGATAA	TCG TTATGGT	TGT GTCTTGG	CAAT TGAAAT	720
	ACT AGAATTA	TTAAA AGATA	TAGA ATTAGA	TGT AGACTTG	TAT GTTGGCG	CAA ATGTTCA	780
20	AGA AGAGGTT	GGATT ACGAG	GTG CGAAAGC	ATCT GCAGAG	ATG ATAGACC	CAG ACGTTGC	840
	ATTT GTAGTT	GATT GTTCAC	CTG CCAATGA	CGT TAAAGGA	AAC CAACCAT	TAT CTGGTGA	900
	ACT TGGTAAA	GGG ACGTTAA	TTG CATATAA	AGC CGGTACA	ATG ATTTTAA	AGC CTGTATT	960
25	TAG AGACTAT	TTATT AAAGT	TAG TAGAAGC	ACAT GACATT	GAAC ATCAAT	ACT ATATGTC	1020
	ACC AGGTGGA	ACAG ATGGTG	GAG AAATTCA	TAA AGCTAAT	ATT GGTATTTC	CGA CTGCAGT	1080
	TATT GGTGTA	TGT GCACGAT	ATATT CATAG	TAC AGACTCA	GTAT TTGATA	TAAG AGACTA	1140
30	TTTT GCAGCT	AGAT CTTTAC	TTT CAGAAGC	CATT TGTAAT	TTAG ATAATA	ATCA AATAGA	1200
	AAC ATTACAA	TATA AATAAT	CGG GTAATAA	CAAC TATTAT	CTC TAAATAG	TTAT ATATAA	1260
35	TCATT AATTA	AGG AGACATA	AAA ATGAAAC	AACT TGAATC	AGA ACAACAA	TTT GAATCTT	1320
	TAAA ACAAGG	TGCT ACAGTA	TTT GAATTCA	CTG CAGGCTG	GTG TCCAGAT	TGT AGAGTGA	1380
	TAGA ACCAGA	TTT ACCGGAA	TTAG AAGCGA	GAT ATCCTAT	GTT TGA CTTC	GTAT CAGTAG	1440
40	ACCG TGATAA	ATTT ATGGAT	ATTT GTATTG	AAA ATGGTAT	TAT GGGTATT	CCA AGTTTTC	1500
	TAG TATATAA	AAAT GGAGAA	CTG CTTGGAA	GTT ATATTGG	AAA AGAACGA	AAAT CAATTG	1560
	AAC AGATAGA	TGC ATTTTTA	GCT CAATACG	TGTA ATTTAG	ACT AGAGAAA	AAC GGGGTAA	1620
45	TACT CGTTTT	TCT CTGTTAC	TAT GTGTTGA	TTT ATTGTAA	ACT ATTATAA	GGT GCGAAAT	1680
	TAG GAGTGTT	ACAT ATGAAT	ACCT TTCAAA	TGAG AGATAA	ATT AAAGGAA	CGT TTAAGCC	1740
	ATTT AGACGT	TGAT TTTTAA	TTT AATCGTG	AAG AAGAAAC	TTT GCGTATT	TAT CGAACAG	1800
50	ATA ATAACAA	AGG TATCACG	ATT AAACCTA	ACG CTATAGT	CGC AAAATAT	GAAG ATAAAA	1860
	AAG AAAAAAT	TGT AGATGAA	ATT GTTTATT	ACG TTGATG			1899

55

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3774 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 660:

10	GTATAATATC CTTTCAATCT GTTTTCATAT TTTATATATT TTTTAAATAT AAGTGCTAAA	60
	TGTTTTAACT AAAGCATAGA TTGACAAGAT GTTATACAGA ATTTCAAATT CTATCCAATA	120
15	TTGTTCTGAAG TGTAAGTATCA CTGGATTGGT ATTAAACAAT GTAAAGGAGA GATTGCAAAT	180
	GCCGTATAAT TACAAGAAAC AAAATGGAGA GTTAATGTCT GTAATGAGCC AAGGTGAAAA	240
	GTTTATTCAT CAATCACCCG TTAATGATGA ACTTAGTGCA TTGATTAAGT TATTAATTTT	300
20	TAAAATTAAC GGTGTGCATT ATTGTGTTGA TATCCATAAA AAAGAATTAA AGGAATTGGG	360
	TGTAAACACAA ATGAAAATTG ATGAAGTCTT GAGTTTTAGA CATTTAGATT TATTTACTGA	420
	TCAAGAAAAA GTGACGCTTG AATTTCGAGA AATGTTAAAT TCAATCAAAG ACTTTAAGAA	480
25	GTTTGAAATT ATTGACCGGC TAAATCATT TTATGATGAA GAACAAATTA TTGATCTTGT	540
	CTTTGTTGTA AACCAAATTA ACGGTTGGAA CAGATTAAAT ATTATTAGTG ATAGACTATA	600
	ATTGTTTCATA TAAATGCAGA GTTTCATCTC GAACGCTATA TCATAACAAA TCATGCCACT	660
30	ATACAGGTCA AATCTTGTAT AGTGGCATT TAAATTTATCC CTTTGAATAC TGTTATTTAA	720
	CGAATATCGG TCCACCTGGT CCAACAGGGA TACCTAATAG GAACCAAATG ATGACAAATA	780
35	CTGTCCATAC AATACTTAGC GCGATTGAAT ACGGCATTAA ACTAGAAAGT AAGGCTCCGA	840
	GTTTCATGCG TTTATCGTAT TTTTGTGCAT AAGTTAATAA TAAAGGTAAG TACGGCATCA	900
	TCGGTGTAAAT TGGATTGGTA ATTGAATCGC CTACACGGTA AATGACTTGT GTGAATGCGG	960
40	GATGAAAGCC GATAAGGATT AACATTGGTA CGAATATCGG TCCTAAAATA CCCCATTTAG	1020
	CCGATGCGCT TCCGATTAAC ATGTTGACCA TTGCACTCAG TACAATAATA CCTAGTATCA	1080
	ATACAATACC GTTTTGATGT TCTAATAATT TGGCACCTTT AACAGCAGCG ATAATTCCTA	1140
45	AATTACTCCA CTTTAAATAC GCAAGTAGCT GTGCTGCAAA AAACACAATA ACGATAAATG	1200
	TTCCCATTGA TCCTACAGCA TCGCCGAACA TTTTACCTAA GTCTTTTGTA TTTTAAATTT	1260
	CTTTGCTTAA AATCCCATAA ACTAATCCAG GTACTAAAAA TACGACAAGA ATAATTAATC	1320
50	CGACACCGTT AATTAATGGC GCATCGTCTA GTAAGCTGCC TGTTTTAGCA TTTCTTAAAA	1380
	AGCTATGTTT AGGAATGGCT GTAATAATTA ATAAAATAAT TGTGACTATG AAAGTGATAT	1440

	CATCATGCAT TAAACTGTCA TCATATTTTC CTAATCTAGG AATAATGAGC TTAGTTGTAA	1560
	CTAGCAATAT CGTAGGAAGT AATACAACGA CACTCGCTGC GATAAAGTAC CAGTTCATAG	1620
5	CAACGTTTGT TTTAATAGAA TCTGAAACGA TACGTGTTGC CGGTTCTGTA AATGAATAGA	1680
	CCAAAGCATC TTGCATACCA ACAACTATAT TTGCTGCAAA TCCTCCAACA GCGGAAGCAT	1740
	ATGCCATCGT TAGTCCAGCG ATAGGGTGAT AGCCAATTTT AATAAAAAGC ATTGCTGCAA	1800
10	GCGGCGGCAA GATAATTGTC GCAGCATCGC CGGCTGTACT ACCTAAAATA CCAATTAATA	1860
	TAATAGTCGG TAAAATTAAG AAACGTGGTG CGCGATTAC AACAGAAATC ATTAAGTTAT	1920
	CGAAGTATCC TGTCTTCTCT GCAACACCAA TACCAATCAT CACTGCTAGT ACTAAGCCTA	1980
15	ATGCTGGGAA CTCTGAGAAA TTTTAAATCG TATCATTCAT TATCATCGTA AATCCATCAT	2040
	GGCTAATTAT ATTTTAAATA TAAATGGTTT GATGCGTACC TGGATGCTTA ACAGATACAT	2100
20	TAAATAATGA GATAACCCAT GTCATAATGG CTAAGCCCAC ACACATTAAA AAGAATAAGA	2160
	CGCTAGGATC TGGCAATTTA TTTCCGATTT TTTCAACACT ATTCAAGAAA CGATTGACGA	2220
	TAGACCCCTT TTGTTGATGT TTTGATGTCA TCAATTATTC CCCCCTTTGT TAAATATTTA	2280
25	AAGTGTAACA AAAAATACTC TCAAAAGTAA CAATTTTCAG GAAATAAAAA AACTAATATT	2340
	GTAAATATT TTGAGTTATT CAATAGAAAG TGTATAGCAG AGTAGTTAAG ACTGCCTGAA	2400
	GACTTATCTA TTAGGTTTAT GAAGCATCGA ACAGTGGAAA ATAAGGACTG TAAGTTTAAG	2460
30	ATATGTTGTA TAGGAGTGAC TGAATGAAAC GTTTGGAAAA TAAAGTAGCA GTCGTAACAG	2520
	GAGCAAGTAC AGGTATCGGT CAAGCTTCTG CAATCGCTTT AGCTCAATAA GGTGCGTATG	2580
35	TATTGGCGGT AGACATAGCT GAAGCGGTAT CGGAGACTGT CGATAAAATT AAAAGTAATG	2640
	GTGACAATGC GAAGGCGTAT AATGTGGATA ATGCAAGCGA ACAACAAGTG GTAGACTTTG	2700
	TGTCTGACAT AAAGGAACAG TTTGGAAGAA TCGATGTGTT GTTTAATAAT GCCGGTGTGG	2760
40	ATAATGCGGC TGATAGAATT CATGAGTATC CAATAGATGT GTATGACAAG ATTATGAATG	2820
	TAGATATGCG TGGGACATTT TTAATGACGA AAATGATGTT ACCTTTAATG ATGAATCAAG	2880
	GTGGCTCTAT TGTTAATACG TCTTCATTTT CCGGACAAGC AGCAGACTTG TATCGCTCTG	2940
45	GATATAATGC TGCGAAAGGT GCAGTGATTA ATTTTACAAA ATCAATCGCA ATTGAGTATG	3000
	GCCGTGATAG CATTCGAGCC AATGCGATTG CACCAGGTAC AATTGAAACC CCGTTAGTAG	3060
	ATAAACTGAC AGGTACGAGT GAGGATGATG CAGGTAAAC ATTTAGAGAA AATCAAAAAT	3120
50	GGATGACTCC GCTGGGACGT TTAGGTAAAC CAGAAGAAGT TGCTAAATTA GTAGTCTTCT	3180
	TAGCATCTGA CGACAGTTCA TTCATAACTG GAGAGACGAT TCGAATTGAT GGTGGTGTGA	3240

55

AATTATTTAA AATCGATATC CAGTGGAAAA GAATTTGGCA TGAAGTAGGC AATGTATGCA 3360  
 TATTGTCGCA ATGAAAGACA TTAAAGCGG AGATTAATTA ATCTTTGAAA ATCACATATT 3420  
 5 GTTCATTTGA AGTGTATTGC TTAAAGCTTG TTTTAACGTA TTGTAGGTCG TGCATCTAAT 3480  
 TTATCAGAAT CTCGAGTTCA AACTTTTGGG GTATCTTTAA AATAAGCTGT ATTTTGTCTA 3540  
 TTCTAATAAA TTAAGGAGAA TTTTATGTTA AAAGAAAAAG AAAGTTTGTAG ATTGCTATAT 3600  
 10 CAAGCTATAA GAGAGATTGC AGATAAAATT GGAGATAATC AGTTAGAAAC TAATTCCGTT 3660  
 AGTTTATtAT tATTGGACTT TGATTTTGAA CATGAAGTAT TTGATGAATT GTATCTTGTG 3720  
 15 ATTTtAAAAT ATTTAAATAC AGTAAGTATA GAGAACATAA GTCATAGTGA GCTT 3774

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 661:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

20 (A) LENGTH: 1078 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

25 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 661:

TACTGGTTTT GGATTTTGGG GGTAATACAG TACCTAATAG TAATnATGGT GTCGTCAnAA 60  
 TTATATCTTT CCGTGATGTT CTTACTCATT AGAACATCnG CCTTCAGAGG AATCATGATA 120  
 30 CGAGGAATAA GAAATTTAAA TGTGAGCGAA GTCAATATAG TATTTGCGAT TATTTTTATT 180  
 AACTCCATTA TTATTGTTAG TTTGATTTTT CGAGGATAAC TTCAATTTTT GCATTTTGAG 240  
 GTTTTTTAAC ATATCTATTT GCATCAGTTG ATGGCAACCT TTTACTTAAA TCTATTGTGT 300  
 35 AGTTATTGTC TGCACCTGTT ATTTTAATTT GTCCTTTATT ATAAGAATTA TTATATAATT 360  
 TTTTACTTTT AATTAATGTT TGACGAATAC GAAAATCTAA TTCTTTTAAA GTTAAAACAG 420  
 40 GCTTATTGCC TTCATAAACT GGAAATCCGC CAGTAAACGT TTCTGCTTTA TCTTTATATG 480  
 TTACATTCAG TTTATAGTGT TTATCGTTAG ATGTTGCTGC AGGAGTAACA CCACCAGTAA 540  
 ACGTTTCTTG AGATAATGCA AAAGaATCAA TGGTTTCTTG GTCTTTTATG CyAAAAATAT 600  
 45 CAACGCTTTT ATTTCTTAAT TGGTTGATAT TGCCCCAACT TTCAGGTCCA TAAACTTGAA 660  
 TATGACTATA CCAAGaAAAC TGTAACAACG TTGCATGAAT CgTACCGTTA TCTTTTGGCC 720  
 ATAACGTACT GTTAGAGAAG GTTAAATATT TTTGCGAGTA ATATTTAGTT AACTCATTAA 780  
 50 CGTTAGTTTC GTTTTGATTT ATATAAtAAG cTTTCGCTTC AGATGAAGAA TTGATAkGTG 840  
 TATTAGGAAA TTGTGTAGAT GCTGTACCTA ATAGTAACAA TGTTGTTGAT AAAATAATTT 900

55

ATAAAAAGGG GTTAATTAGA TAATTGAAAT TATCCGCATT TACAAAAGGT AATAGGTTAG 1020

TTAGATTTTT CGAGTATGAC TCAATTTCTG CATTACGAGG ATTTTAAACA TAACGGTT 1078

5 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 662:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1398 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

10 (C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 662:

15 AACTTGCTTT TTAGTATCTA CGTTAATATT AATAGCTTTA ATTTCACTTG TATTAATTAA 60  
 ATCAGCTGTG TAAATACCTG CTTTCAAATC GATAACTTTC TTTGTTCCAT TTTTAAAGTA 120  
 20 AACAGTATAT TTCGCTTGCT TCGATAGTCT TAAATCTATA TCACTAATAC CTCTGTCTGA 180  
 TTTTAAAACT GATTTAACTC TATCCTCTAA ATCTTTATAA CTAATATTTT GATTCTTATT 240  
 AAATGTTAAG CTTGATAAAA TATTTTGGCT TGTACCGTTC ACAGTGaTTG CATATGGAAC 300  
 25 ATGGACTTTA GAATATCCAT GGTGTAACGA ACTTGATGAT TTATCTAATG GCTTAGCTGC 360  
 GGCAGACGCT TCATTATTAT TAAAGTTTGC ACCTGTTGAT GCTAAAACAC CTAATGCTAA 420  
 AGTTGTTGTA ATCAATGACT TAAATTTTCT AAATTATCTC TCCTTTTTTG TGTAATTCGT 480  
 30 ATTTGCAACT TAATTATAGC CAGACTTTCT CTATTTTTTG AATTAAGTGA ATATTAATAA 540  
 TAAATTATCT TTAACAATAA TTTTAAACA CTGTTAAAAG TTCTTTTAAT TTTGATTAAAC 600  
 TAATTAATTT ACAATACCTA AAATGTTGTT TGGTTTTGTT TATACCAAGC TTCAAACCTA 660  
 35 AATGTCATAA CAACATTCAT TTCTTAATTC CTATTAGATT TGTCGATTAT ATTTACAGCA 720  
 TCTTTATACT CAAAAACAT TTACTTAAAA ATATAAATTC GATTTAATAA TTAATTTAAA 780  
 40 TTTAGTTAAT CAATTTTGCA TCTATTTTGT TGTAAGCTAT ATAAAAGGAG TGATAATGAT 840  
 GGTGAAAAAA ACAAATCCA ATTCACTAAA AAAAGTTGCA ACACTTGCAT TAGCAAATTT 900  
 ATTATTAGTT GGTGCACTTA CTGaCAATAG TGCCAAAGCC GAATCTAAGA AAGATGATAC 960  
 45 TGATTTGAAG TTAGTTAGTC ATAACGTTTA TATGTTATCG ACCGTTTTGT ATCCAAACTG 1020  
 GGGGCAATAT AAACGCGCTG ATTTAATCGG ACAATCTTCT TATATTAAAA ATAATGATGT 1080  
 CGTAATATTC AATGAAGCAT TTGATAATGG TGCATCAGAC AAATTATTAA GTAATGTGAA 1140  
 50 AAAAGAATAT CCTTATCAA CACCTGTACT CGGCCGTTCT CAATCAGGGT GGGACAAAAC 1200  
 TGAAGGTAGC TACTCATCAA CTGTTGCAGA AGATGGTGGC GTAGCGATTG TAAGTAAATA 1260

55

CAACAAAGGC TTTGTTTATA CAAAAATAGA GAAAAATGGT AAGAACGTTT ACGTTATCGG 1380

TACACATACA CAATCTGA 1398

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 663:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1200 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 663:

TTGTAATTGG AACGTACGAA CTTTTCTAGG TAAGAAACGT CGAATCTCGT CCTCATTATA 60

ACCAACTTGT AGTCGTTTAT TATCTAAAT AATTGGACGA CGTAATAAGC CAGGATTATC 120

TTGAATGATT GAATATAAGT CTTGTAATGG TAGTGAATCA ATATCAACAT TTAATTTTGG 180

GTATGTTTGA GAACGTGTAG AAATGATTTC ATCAGTACCG TCTTCAGTCA TTTTAAATAT 240

TTGCTTAATT TCATCAATTG TTAAATGTTT AGAAAAATA TTACGCTCCG TATACGGAAT 300

GTCCATGTTT tTGkTAACCA TGCTTTCGCT TTTACGGcAA GATGTGcAaC TTGGtGaAGT 360

aAATAATGtT ACCATACATC TCACTCTCCT ATTTGAATGA ATAAAATTCA TTGCTTAAAA 420

TTTAGTTATA GATCAAGAAA AAACATTTTT TTCTAAAATT CTTAATCGTT ACTATTTATT 480

ATAACTATCT AACATTAAAA TTAAATGAGA AAAACCTAAT TTTTCAGATA AGTTTCTACA 540

CTTATAAAAA AGATTATTAA TCCCTTTGTT AGTAGTAAGT TATACGTATA TTCTAACACA 600

TCTTACATTT TTAAGAAATA CTGTTATAAT GATAATTATT AAAATATTAC TAAGAAAGTA 660

GGCATTTAAA TGGAGACATT ATTTTCAGGC ATCCAACCTA GTGGAATTCC TACTATTGGA 720

AATTATATTG GCGCACTAAA ACAATTTGTT GATGTGCAAA ATGACTATGA TTGTTATTTT 780

TGTATCGTAG ATCAACATGC AATTACAATG CCACAAGATC GTTTAAAATT ACGTAAACAG 840

ACCAGACAAT TAGCAGCGAT TTATTTAGCT TCTGGTATAG ATCCAGACAA AGCAACATTG 900

TTCATACAAT CTGAAGTCcC TGCACACGTA CAAGCAGGAT GGATGTTAAC TACGATTGCT 960

TCTGTTGGAG AATTAGAGCG TATGACGCAA TACAAAGATA AAGCTCAGAA AGCAGTTGAA 1020

GGTATACCTG CTGGTCTATT AACATATCCA CCTTTAATGG CAGCTGATAT TGTTCTTTAC 1080

AATACTAATA TCGTTCCAGT TGGAGATGAC CAAAAGCAGC ATATCGAATT GACTCGTAAC 1140

CTTGTAAGATA GATTTAATAG TCGCTATAAT GATGTGCTTG TGAACCTGAA ATTCGTATGC 1200

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 664:



(A) LENGTH: 787 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 664:

10	TGTACCTTTT GCTTTAATAA ATACTGTTTC TTTATCATAA TTAGGTTTCAG TTAAGAAATT	60
	AAATTGTAAG CTTTGAGTAA TATTTTTTTTG ACTATCACTT GTTGTAGCTG TACGTGTATA	120
	CATTTTAGTA TCACCATCAA GATTCTTCTC AGAAACTTGT TTGATTTTCAG AATTAATCTT	180
15	TGCAAATGAA GTAGCTGGTA ATACAGTGAA AGTAGTCGAT AGTGCTAAsG wACAAATTGT	240
	GATATTTTTTA CATAGTTGTT TAATCATTAG TAATCCGCCC TTTCAATATT ATCCTTCTTT	300
	ATAAGGTTTA TTGTCATCAG AATATTTATC AACGACTTTA ACTGTTTTAT TTTTCCAATC	360
20	AACTTCATAA GTGACAATTA ATCTTTGACC ATCTTTATTT TtCtCTAAAA TTGGAGGTGC	420
	ATAATGTATy CCAGCTCTGT TTTTCAAAAT ATCTTGATTT CGTGTGTATG TTAATTCAAA	480
25	TTGCGTTTTT TCATTTGACT TTTTATTAGA TAAATAAGTT AAAAATTCTG GATTAAAGCC	540
	ACTTCTTACT AATGCTGGGT ATCTATATTT TGAAGCAAAG CTTAGTTCaG GGTTTTCTAC	600
	AGTAGCAATT CTCGTATTTT TATAGAATAA TAATTCATCA TTTCTATTTT TCACTTCTCC	660
30	ACCATACTTC AAGTCATTTC CAATAACTGA CCAGTGTACA TGgCCAGTTn ATTTATTTTT	720
	ACCGCTGGCA ATTGTGTCAT AATTTGCTGC ATCATCAACT AATCGTTTTG GAAGTAGCTA	780
	TTTGCTG	787

35

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 665:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 533 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

40

45

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 665:

	TTATCTGTCA TTAACCACTG GTACATGTGA ACCCGGCnTn AATCAATATA TATATTTAAA	60
	AGCAAAGGCG CGCCATGTGC CTTTtTTnTA tTTTGTATAT CTGTATCAAA ATCGATTGGA	120
50	TTAAAATCCG CTTTATTTTA TCATCTATTC AAATGATTTT AGTGCGCTTA TTTTACTATG	180
	GCATTATTGC CTAACCTGTT TGAGATATAT TAATATTTGA TGATTCGTAT TCAAAGTTTT	240
55	CATTTAACAT GTATTTAGTA TCATGATAGC TGCTTCATTG ATGATATACT ACCTACTTTT	300

CAGAGGCAAT ATTGAACAAT TCTTCATCAT GACTATTTTC CATCACATAA CTATGCTTAG 420  
 CGAACGCTAA CATATCTTTA TCATTATTCG CATCTCCGAA GGCCATGAGC TCTGAAGGAG 480  
 ACATTTCCCA TTTATCTAAC AATCGTTTTA ATGCCTGnCC TTTAGTCATG TTT 533

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 666:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 400 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 666:

GACTTCTCTT GCACTAAAAA TTGCTCAAAT TGCTCGCTGT CATAACCAGG CGGTGTTTCC 60  
 AACCATACAT ATATGCCACC TTTAGCATGA ACAAATGGCA AATCAGCTTT TGCAAGCATG 120  
 GCTTCGAATC GGTCACGACG TGTTTTAAAT ACATTGCTTT GTTCTTCTAA AAAATCATCA 180  
 TAATGGATTG AAAGCATATA TTGCGGTCAT CTTGTAAATG CACCAAACAT CCCAGCATTT 240  
 GTGTGCGTTT GGTACTTTTT CAAAGCTTGA AATCATATCT TTATTACCAA CTGCCAAAAC 300  
 CGACTCTGAA AACCTGGACA TGTGTATGAA CCTTTnAGAC AAGGGAAGAA ATTTGCAATC 360  
 GCAACATCTT TGCCCATTTT nCCGAAGCAA GTGnGACTAG 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 667:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 412 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 667:

TCTCCAATGC TACTCAAATT AAAAAGGTTT TAAATATTGT TAATTCTGAT CCAGAGCGAA 60  
 AGATTGTTAT CGTTTCTGCT CCAGGTAAAA GACATGATAA TGATATTAAA ACAACTGATT 120  
 TGTTAATCAG ATTATATGAA AAGGTCATTA ATCATCTTGA TTATCATGAT AAAAAAAGAG 180  
 AAATTATTCA GCGTTATGAT GATATTGTAA AAGAATTGCA AATGGATGAA AGTATTTTAC 240  
 GGACGATAGA TGTGACTTTG GAACATTATA TAAATCAATT AAAAAATGAA CCAAAGAGAC 300  
 TATTAGATGC ATTACTTTCT TGTGGTGAAG ATTTTAATGC GCaAyTGAtA GCyTTATATA 360  
 ATAAtAGTCa gGTtACCAAC AAmATwTATA TCCcCGAAGG AAGCGGGTAT TT 412

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 668:

TTACTCGTTA AAGATATTGT AAAAGATGAA GTGACAGAAT ATGACATTCA TCAAATGTTA 60  
 CCGCATCCGA TTAATATGGT AAGGGTTAGA CTTTTTGGTG TGAAATTAAA AGAGATTATA 120  
 GCTAAAAGTA ATAAACAAGA nTATATGTAT GAACATGCAC AAGGTTTGGG TTTCAGAGGG 180  
 AATATATTTG GAGGATATAT TCTTTATAAT TTAGGGTACA TTCATTCTAC AGGGCGTTAC 240  
 TATCTGAATG GAGAAGAAAT CGAGGACGAC AAGGAATATG TACTAGGTAC GATAGATATG 300  
 TATACGTTCC GTcTATTnC CCAACATTGA AGGATTACCA AAGAGTATTT AATGCCAGAG 360  
 TTTTTCAGAG GTATATTTAA nGAAAATTAT TGGCTATTTA 400

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 669:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1236 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 669:

TGTTTCGATAT TTTTAAATTT ATCTTTTAAA TACAACAAC TTTTCCGTAA TGATTTAACT 60  
 GTTTTATGAC TAATGCCATT GAATATTTCT AGCGTTTTAT TTAACCTATC GATAATCGCA 120  
 TGTAATCCT TCAAATGTC TTTTGTTTCA AAAGTAAATA CATTATGGAA GCGATGAATA 180  
 TCATCATCAT AACATCAGA ATCATTGATA ATCGTAAATA TCGTTGAGAA CAATTGCTCA 240  
 TTTAACTCAT GAATCTCATT CATACTAGCC TTCAAGCCAA AAATATCAAT TGGTGCAATA 300  
 TCTAATTTTT CCAAATTCG CTGCTTTTCC AGTTGATCAA TTGCCTTTAA CAATTTTTCA 360  
 TTTTCGTTTT TACCAATCAA ACCAAGCTGA TATTTAATAT CAGCATAACT CAACTCATTT 420  
 GTCATTGAT TTAAGGCATA GTCTGGTAAG CGATGTGCTT CATCCACTAT ACAATCATCA 480  
 AACAATTGAT ATATTGAATT TTCAACATCA GAATGaATTA AATGTGCATG ATTTGTAATA 540  
 CCAATTTGaA TGTTCTGTGC ATTTGCTTA ATAAAATTAT aATAATGAAC ATCGTGACGT 600  
 GCCGGTACAT ATGTTTCAAT TTTCTGGTcA AAATACATCT TTTGACCACC TTTTAAATTT 660

ATATTCACtT CGTAATTACT TGTGTCATCT TTAAAATTT GACTAATAAG CCCCAATGAA 780  
 ATGTAATCaC TTtTACTTTT AATCAATAGT GCATTAATTT TAAAATTCAA CGCTTCATTC 840  
 5 ATTGCTGGAA TATCTTTTTC TAACAATTGA CTTTGCAGTA ATTTAGTATT GGTAGAAATC 900  
 ATGACATGCT TCCCAGTTTC AATATTATAC ATCAAGGCCG CAAGTAAATA TGCTAATGAT 960  
 10 TTACCACTGC CTAGTGATGC TTCAATCATT GCTTTTTCAC TATGCATGAG CTGATCTAAT 1020  
 ATAGTTTCCG CTAAATATAA TTGTTGCGGT CGATATGTTA AGCCAAGTTG ATCTACAGCT 1080  
 TTGCTATATA AAGACTTCAA GCTGCCATTA TAATTTGTTG TCGGCTTTT AAAATCAACT 1140  
 15 TGCTTACGAT AGATAATCTG TTCGAACCTT TCGTACGATT TATCCAATGG CTTTGCATCA 1200  
 TATTGCCTAA CCATCTCAAA GAAAATATCA TACAAA 1236

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 670:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1819 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 670:

30 ACAsAATTAT TGACCAATAT GACTCGTGGA CTGATATGTT TAAAGCACTA CTGCATGAAA 60  
 CATTTAAGC ATATGGCGTT CTATTTATAG ATGCGCAGTT TGAGCCGTTA AGAAAAATGG 120  
 AAGCGCCTAT GTTTAAAAAG ATTTTGAAAA AACATCAGTT GCTTGATGAT GCTTTTAGAG 180  
 35 CAACACAACA ACGTACTCAA AATCAAGGCT TGAATCCGAT GATACAAACA GATACAAATG 240  
 TTCATTTATT CTTACATGAT GAAAATATGC GTCAATTAGT tTCGTATGAT GGTAAGCAyT 300  
 TTAmATTAAA TAAACAGAT AAGACATATA TAAAGGAAGA AATTATAAAT ATTGCGGAAA 360  
 40 ATCAACCKGA ATTATTTTCT aATAATGTAG TGACAAGACC ATTAATGGnA GAATGGTTAT 420  
 TTGAACACGG TGGCATTGTG TGGAGGACCG AGTGAAATTA AGTaCTGGGC TGAACATAAA 480  
 45 GATGTATTTG AACTATTTGA TGTTGAAATG CctATCGTGA TGCCAAGGCT TAGAATTACT 540  
 TATTTAAATG ACCGTATAGA AAAATTACTT TCGAAATACA ATATTCCATT AGAAAAAGTG 600  
 TTAGTCGATG GTGTTGAAGG AGAAAGAAGT AAGTTTATTA GAGAACAAGC ATCACATCAA 660  
 50 TTTATTGAAA AGGTAGAAGG TATGATTGAA CAACAGCGTC GTCTAAACAA AGACTTATTA 720  
 GATGAAGTGG CGGGGAATCA AAATAATATT AACCTTGTGA ATAAAAATAA TGAAATTCAT 780  
 ATACAACAGT ATGATTATTT GTTAAAACGT TATCTTTTAA ACATTGAAAG AGrAAACGAC 840

5 GAAAGAATAT GGAATCCACT TCAAATTTTG AATGATTTTG GGACAGATGT GTTCAAGCCC 960  
 TCCACCTATC CACCACTTTC TTACACTTTT GATCATATTA TTATAAAACC TTAATATACC 1020  
 AAGGGTTTAG CCCGATTTAT CTTAATGATA AATCGGGCAT TTTTGTGTTT TTTAAAATAA 1080  
 ATTTACACAA TTTTGTATAA ATAGTGGTGG ATAGTGGGGA GATGTGGTAA ATTATATATA 1140  
 10 AGGTGAGGTG ATAAAAAATG TTCATGGGAG aATACGATCA TCAATTAGAT ACAAAGGAC 1200  
 GTATGATTAT ACCGTCCAAG TTTCGTTATG ACTTAAATGA GCGTTTTATT ATCACAAGAG 1260  
 GCCTTGATAA ATGTTTATTC GGTTACACTC TAGACGAATG GCAACAGATT GAAGAGAAAA 1320  
 15 TGAAAACCTT ACCTATGACA AAAAAAGACG CACGTAAGTT TATGCGTATG TTCTTCTCTG 1380  
 GTGCTGTTGA AGTAGAACTT GATAAGCAAG GCGTATTAA CATCCCTCAA AACTTGAGGA 1440  
 AATACGCTAA TTTAACTAAA GAATGTACAG TAATCGGTGT TTCAAATCGT ATTGAGATTT 1500  
 20 GGGATAGAGA AACTTGGAAT GATTTCTATG AAGAATCTGA AGAAAGTTTC GAAGATATTG 1560  
 CTGAAGATTT AATAGATTTT GATTTTAAA ATGGAGGAAT TGAAGtGTTT CATCATATCA 1620  
 GCGTTATGTT AAACGAAACC ATTGATTATT TAAATGTAAA AGAAAATGGT GTGTACATTG 1680  
 25 ACTGTACGCT AGGTGGAGCG GGACAnGCCC TTTATTTACT AAATCAATTA AATGACGACG 1740  
 GAAGATTAAT AGCAATCGAT CAAGACCAA CTGCAATTGA TAATGCTAAA nGGGTATTAA 1800  
 30 AGGATCATTT GCATAAAnG 1819

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 671:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 35 (A) LENGTH: 609 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 671:

40 ACCAATTATT GGACAGGAAT TAGCAAAAAA TGCAATGCTT GCATTAATCT ATGCATCGAT 60  
 45 AGGTATCATC ATCTATGTAT CATTACGATT TGAATGGCGC ATGGGTCTTT CATCTGTATT 120  
 GGCATTATTA CATGATGTAT TCATTATAGT AGCGATTTTC AGTTTATTTA GAATTGAAGT 180  
 AGATTTAACA TTTATCGCCG CTGTATTAAAC AATTGTCGGT TATTCAATTA ATGATACAAT 240  
 50 CGTAACGTTT GACCGTGTAC GTGAAAACCTT ACAAAGGTT AAAGTGATTA CGACAACAGA 300  
 ACAAATTGAT GATATCGTTA ATAGATCAAT tAGACAGACA ATGACACGTT CAATTAATAC 360  
 55 AGTATTAACA GTTATTGTAG TAGTAGTTGC TATACTATTC TTCGGTGCTC CTACGATATT 420

TGCCGTTCCG CTATGGGGAA TAATGAAAAA ACGTCAGTTG AAAAAATCGC CGAAACACAA 540  
 ATTAGTTGTA TATAAAgAAA AGAAATCGAA CGATGAAAAG ATTTTAGTTT AAAAtGaATT 600  
 5 AAGCGGTAT 609

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 672:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2222 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 672:

CTTAAACAG CAATTTGAAC GTTTACAAAA TGAACAAATC TTTGTTTATG TTTGTCATGG 60  
 20 TAATCACGAT CCTTTATCAT CAAAGATTTC ATCAAACCTGG CCAGATAATG TtntTGTATT 120  
 TTCAAATAAA GTTGAGACGT ATGAAGCAAT TACTAAATCT GGTGAAACAA TTTATATTCA 180  
 CGGATTTAGT TATGAAAATA GAGCAAGTTA TGAGAACAAG ATTGATGAAT ATCCATCAAG 240  
 25 TCAAGGCCAA AAAGGCATAC ATATTGGTGT CTTGCATGGT ACGTATAGTA AATCTTCAGT 300  
 TAACGAAAGA TATACCGAGT TCATTTTAGA AGATTTAAAC AGTAAATTGT ATCATTATTG 360  
 GGCTTTAGGT CATATACATG AACGTCAACA ATTAAGTGAT ATGCCTGTAA TTAACCTATTC 420  
 30 AGGTAATATT CAAGGTAGAC ATTTTAATGA GCAaGGTGAA aAAGGTTGCT TATTAATCGm 480  
 GGGTGACCAC TTAAAATTAA AGACTAAATT TTATCCTACA CAGTATATTA GATTTGAAGA 540  
 35 AGCAACTATT GAAACGGATA AGACATCTAA GCAAGGTTTA TACGAGGTCA TTCAAACCTT 600  
 TAAAGAACAA GTGAGAGAAG AAGGAAAAGC CTTTTATCGT TTAACGCTTG TTATTAATAG 660  
 TGAGACATTA ATTCACCTC AAGATTTATT ACAAGTTGAA GAAATGATTA CAGATTATGA 720  
 40 AGAAAACGAA AATCAATTTG TATATATTGA TGAGTTAAAA ATACAATATG CACAAAATGA 780  
 TGAGTCACCT TTAGTTAATG AATTTTCAGC GGAATTATTA GTCGATCAAA CTGTTTTTGA 840  
 TAAAGCGATG TCAGATTTAT ATTTAAATCC AAGGGCATCT AAGTTCCTAG ACGATTATGG 900  
 45 AACATTCGAC CATAACAGCAT TAGTTAATCG TGCTGAAGAA ATATTAAAAG CTGAAATGAG 960  
 AGGTGAACAA AATGATAATT AAATCACTTG AAATTTATGG TTACGGTCAA TTTGTTCAaC 1020  
 50 GTAAAATTGa ATTTAATAAA AACyTCaCTG AAA1TTTTGG TGAAAATGAA GCGGGTAAAT 1080  
 CGACGATTCA AGCATtCATC CATTGATAT TATTTGGATT TCCAACATAA AAGTCTAAAG 1140  
 AGCCAAGACT AGAACCACGT CTAGGTAACC AATACGGTGG TAAATTAGTA CTTATTCTTG 1200



TATATTTACC TAATGGTGCT GTGCGTGATG ATGCTTGGTT ACAAAGAAA CTTAATTATA 1320  
 TTTCTAAAAA GACATATCAA GGTATCTTTT CATTTGATGT ACTAGGGCTT CAAGACATTC 1380  
 5 ATAGAAATCT AAATGAAAAA CAATTGCAAG ATTATTTATT ACAAGCmGGG GCTTTAGGAT 1440  
 CAACTGAaTT CACGTCAATG CGCGAAGTGA TTAATCGTAA AAaAGATGAA TTATATAAAA 1500  
 aATCAGGTAA AAATCCGATC ATTAATCAAC AAATTGAGCA ATTAAAACAA CTAGAAAGTC 1560  
 10 AAATTCGTGA AGAAGAAGCA AAGCTAGAAA CATATCATCG CTTAGTAGAT GATCGAGATA 1620  
 AATCATCACG TCGATTAGAG AATTTAAAGC ATAATTTAAA TCAATTATCA AAAATGCATG 1680  
 15 AAGAAAAACA AAAAGAGGTT GCTTTACATG ATCATTCAACA AGAATGGAAG TCTCTAGAAC 1740  
 AACAGTTAAA TATTGAGCCA ATCACATTCC CAGAAAAAGG TGTGGATCGT TACGAAAAAG 1800  
 CACGAGCGCA TAAGCAATCG TTAGWAAGAG ATATTGGTTT AAGAAATGAG CGTTTAGCTC 1860  
 20 AACTTAAAGA AGAAGCGACT CAATTAGAGC CAGTTAAACA ATCTGATATT GACGCCTTCA 1920  
 TTAGTTTGAA TCAACAAGAA AATGAAATTA AAAATAAAGA ATTTGAACTT ACTGCAATCG 1980  
 AAAAGGATAT TGCGAATAAA CAACGTGATA AAGATGAATT GCAATCAAAT ATTGGTTGGT 2040  
 25 CTGAAACGCA TCATGACGTA GATAGTTCAG AGGCAATGAA AAGTTATGTC AGTGAGCAAA 2100  
 TCAAGAATAA ACAAGAACAA GCTGCATACA TTAAACAATT AGAACGTAGT TTAGAAGAAA 2160  
 30 ATAAAATCGA AGATAATGCG GTTCATAGCG AACTAGATTC TGTGAAGAA AAATAGTTCC 2220  
 TG 2222

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 673:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 406 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

40

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 673:

45 TTGCAGGTAT CATTTTTTTA ATGCCATATG GATTATGTTT TCTACCGTTT TATAAGCAAA 60  
 AAAAGAAAAA ACAGACATTT AAAAAATACA TGGTTTACAC TACGATTGGT TTGTCAATTT 120  
 GTCTAGGCTT ATCTCTAGTT TTGGTTCACA CTACGAAAAT TTATATGGAC GAAGGTGGCG 180  
 50 TAAGATACTA TTACGGTAGT TTTGTAATGA AACAAGCGGG CGGTTATGCT TATTTAGCTT 240  
 TAGCGGTACT TTCAACGTTG TTAATTGTTG CGAAAAAGC TACAAATAAA AATAAGAAA 300  
 TCGAAACCGT CGACAATACA AATATAACGG AAAGATAATT AAGGGAGTGC TCATTCAGGA 360

55

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 674:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 927 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 674:

CCACTTTGTG GATTTTCTTT ATATTCTCCA CGCTTGtACT ACAACTTCTT TCGTTTCTGT 60  
 TTCATCACCG ACTGCCGCAT TCGTTAGCAC ATGTAATAAC TCTTTTGCGG TTAATACATT 120  
 CTCATCTATA ATCTTATCTT TTTGTTCTTG TATATATTGC TTGATGTGCG GCTTTTTCAA 180  
 TAACCTACAC GCTGTCACAT GTGCGCTATT TGC GTTATAT CCTGyTTTTA TGGCACTTTG 240  
 TGTACATT C AGTGTCTAA TATACTCATT CACAAAACGT GCTTGCTTTG CAGTTAACTC 300  
 ACTCATTTTA TCACCCCCAC AATTTTATCT AATATGGTTT CATACCATAA TATTACAGAT 360  
 TGTCTGAAC AATCTAAGGC ACTACTAATA TCTTGATAAC TAAGTCCTTG TATAAGGGAG 420  
 TCAAAAATAT AAAACTCTTT ATCGGTCGCT AATCTGTCAA CAATCATTTT TATGTGATTC 480  
 TTTATAATAT GATCATTGAC ATTATCGTCT GTCATCAATT CGTCAGAATC TTCATCACCT 540  
 ATTAAAAAGA AATCATCAGT ATTTATTTCA TCATCGCCCC GTTAACTAGC TTTGAAGTCT 600  
 TTAGCACACT TGCATATACC GGCTGTCGTG CTGGCKAGAT ACTAGCATTG AAGTGGTCTG 660  
 ATATTGATTT TGAAAACAAC ACGATTAGTA TTAATAAAAC ATATTACAAT CCAAATAATA 720  
 ACAAGAAGAA ATATCAGATA CTTCCCCCTA AAAGTGAAG TTCTATCGGT AAGATTTCCG 780  
 TTGACCCAAA TGTAATAAAG GtGtTGCGtG ATTATAAGAT AAACGTTCAA AATAATTGGA 840  
 AAAACGAATT ATATAATGAT AACCATTGTA ATGAAAAAAC TATCAATGTG GATACAAACC 900  
 ATTATGTCAC GTACCAGCAT ACTCAA 927

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 675:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1100 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 675:

GATGTTAAaA TAAGTACATC ATTTTGAATC CCAAATATTG GCTTTAGACC TTGAAATGCT 60

CTCATAATGG CATCAGGTAC cAGGGGTTGG GaCCAGGTGT TAATAACAAC GGTTGATGAT 180  
 AATACATTTA TATGCCTCCT ATAAATAAGA TTTCAC TATT TTAGCAAATT TTCTGAAAAT 240  
 5 TTAAAAGCCT AAAAAGtGAT AACGCTATAT TGTCGAACAA ACGTTATCAC TTAACGATTT 300  
 TATTTGGCCT GAATGATGGG ATAGATTTTT ATGTCCACAT TATTTCTTAC AGCATTTGAA 360  
 ATCATGCAAT TATTATCTGC AATTGTTATC AATTTTGCTA ATCGCTTTTC TAATTGTGCT 420  
 10 ATTTGATCAC TTGGAATTG AATTGAGGA TGGTGCACAA TTTTGTACAT ACTGAATTTT 480  
 CCGTTATTTA AACAAGCTGT TCCAATCGAT TGTTGTkCAA TTGAAATATC TGTGAACTTT 540  
 GCACGTTCAA GAGTAGCTGC TAATGAGATG ATATAACATG ATGAAGCGGC TGATACTAAC 600  
 15 ATTCATCGG GATTTGTTCC TATACCAACA CCACCTAAAG AAGCAGGTAT AGAAATATTC 660  
 TCTGAAAGTA TGTCGCCTTG AACGTTTCCG ACATTGTTAC GACCACCTTG CCAAGAAGTT 720  
 20 TGGACTTTAA AGTCATGTTG ATGCAATTGC TTTAACCTCC AATATAATTG TGATAGTTTA 780  
 ATTTTAGAAT AGTTTATCAA AGTTTAACAG AAAGGTGACT TATCAATGAC TCTGAATAAA 840  
 CTGAAAGATG AATTACAAAT TGTTTCGCAC CGTGGATTGC CGAGTGATTT TCCTGAAAAT 900  
 25 ACAATGGTCG GTTATCGAGA GGTAATGGGG CTCAATGTTG CTATGTTAGA AATAGATGTT 960  
 CATTGACCA AAGACCAACA TTTTGTGTG ATACATGaTG AAACAATTGa TAGAACATCG 1020  
 GaTGGtArGG GCGGTAWTgc TGaTTACACA TTATCGCAAT TAAAATCATT TGATTTTGGT 1080  
 30 AGTTATAAAG ATGTTGCTTT 1100

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 676:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 460 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 676:

ATTAATTTCA TATGGAAATA GTTGAAC TAA CTGCGCTGTA TAAGCTTCAA CAGTTTGATG 60  
 45 AATTAACGAT TGATCTTCAA TATATCCGTA GAACAAATCT TCAGTACAAA CTACTTTACC 120  
 TTTATCAGGT TTAATTGCAC CTGCCAACAA TTGACCTACC AACGCTTTGG AAGATTCAGG 180  
 50 TTCACCAATT ATACCTAATG CTTCTCCTTG ATAAATATGT AAATAATAT TGTTTAAATC 240  
 GATATCTTCA GCATCATATC CAAAAGGTAA ATACCATTTT TTATTCTGTT TATTCCTATA 300  
 GTAGTGTGTT ACTTTTAGTA ACTTTAAAC AATTGAACTT CCCATCTATT TTCATCCTTC 360

55

CCCCACGCaA AAATACCTTT TAATCTTnCT ACTTTAAAAT

460

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 677:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1451 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 677:

15	GTCAAGTTTT CGGCTAGATT TTAAACGCTC ATCACTATGT AGAATGAAAC TTTCGAAAAA	60
	CTGTAAATCA TCATAACCTT TTACATAAAC ATAACCTTCG CCACCAATTG CTTGAATTAA	120
	ACATTGGGCG GCCATTTGAA TTTCTAAAGA TTGTTTTTCT AGCCTATTAA AGATACCTAT	180
20	TAGTTGTGTG TTTAAGATTT TTGACATCTT TATCCTCCAA TCTACTTATA AAATATTGTA	240
	ATTAATGACT ACATATTATG CAACGGCTTA AATTGTATAA AAATGTATAC GTTTGCATTT	300
	AGTATAACTA TCGCATTTTT CAAAAAATAC ACATTTAATC TGCAGTATTT CAATGCATTG	360
25	ACGCTATTTT TTTGATATAA TTACTTTGAA AAATACGTGC GTAAGCACTC AAGGAGGAAC	420
	TTTCATGCCT TTAGTTTCAA TGAAAGAAAT GTTAATTGAT GCAAAAGAAA ATGGTTATGC	480
	GGTAGGTCAA TACAATATTA ATAACCTAGA ATTCACTCAA GCAATTTTAG AAGCGTCACA	540
30	AGAAGAAAAT GCACCTGTAA TTTTAGGTGT TTCTGAAGGT GCTGCTCGTT ACATGAGCGG	600
	TTTCTACACA ATTGTTAAAA TGGTTGAAGG GTTAATGCAT GACTTAAACA TCACTATTCC	660
35	TGTAGCAATC CATTTAGACC ATGGTTCAAG CTTTGAAAAA TGTAAGAAG CTATCGATGC	720
	TGGTTTCACA TCAGTAATGA TCGATGCTTC ACACAGCCCA TTCGAAGAAA ACGTAGCAAC	780
	AACTAAAAAA GTTGTTGAAT ACGCTCATGA AAAAGGTGTT TCTGTAGAAG CTGAATTAGG	840
40	TACTGTTGGT GGACaAGAAG ATGATGTTGT AGCAGACGGC ATCATTTATG CTGATCCTAA	900
	AGAATGTCAA GAACTAGTTG AAAAACTGG TATTGaTGCA TTAGCGCCAc ATTAGGTTCA	960
	GTTTCATGGTC CATACAAAGG TGAACCAAAA TTAGGATTTA AAGAAATGGA AGAAATCGGT	1020
45	TTATCTACAG GTTTACCATT AGTATTACAC GGTGGTACTG GTATCCCGAC TAAAGATATC	1080
	CAAAAAGCAA TTCCATTTGG TACAGCTAAA ATTAACGTAA ACACTGAAAA CCAAATCGCT	1140
50	TCAgCAAAAG CAGTTCGTGA CGTTTTAAAT AACGACAAAG AAGTTTACGA TCCTCGTAAA	1200
	TACTTAGGAC CTGCACGTGa AGCCATCAAA GAAACmGTTA AAGGtAAAAT TAAAGAGTTC	1260
55	GGTACTTCTA ACCGCGCTAA ATAATTAATA TTTAGTCTTT AAGTTATTAA TAACGTAGGG	1320

AATAAATAAA ACAGTTTGAT TTAAAATGA AAGCGTAAAA ATGGTAAAAT ATATCAAAAT 1440

TGATTGTGAT A 1451

5 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 678:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 668 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 10 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

15 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 678:

nGTATTGAAG CGGTAAACA AACACCTAAT GCAACTGACG AAGAAAAGCA GGCTGCTGTT 60  
 AATCAAATCA ATCAACTTAA AGATCAAGCA ATTAATCAAA TTAATCAAAA CCAAACAAAT 120  
 20 GATCAGGTAG ACACAACTAC AAATCAAGCG GTAAATGCTA TAGATAATGT TGAAGCTGAA 180  
 GTAGTAATTA AAACAAAGGC AATTGCAGAT ATTGAAAAAG CTGTTAAAGA AAAGCAACAG 240  
 CAAATTGATA ATAGTCTTGA TTCAACAGAT AATGAGAAAG AAGTTGCTTC ACAAGCATT 300  
 25 GCTAAAGAAA AAGAAAAGC ACTTGCAGCT ATTGACCAAG CTCAAACGAA TAGTCAGGTG 360  
 AATCAAGCAG CAACAAATGG TGTATCAGCG ATTAAAATTA TTCAACCTGA AACAAAAGTT 420  
 AAACCAGCTG cACGTGAAAA AATcAATCAA AAAGCGAATG AATTACGTGc TAAGATTAAT 480  
 30 CAGGATAAAG AAGCAACAGC AGAAGAAAGA CAAGTAGCAC TAGATAAAAT CAATGAATTT 540  
 GTAAATCAAG CCATGACAGA TATTACGAAT AATAGAACAA ATCAACAAGT TGATGATACA 600  
 35 ACAGTCAGCG CTgATAGCtT GCTTTAGTGA CGCCTGACCA TATTGTTAGA GCgCTGCTAG 660  
 AGATGCGT 668

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 679:

40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1906 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 679:

GATCCAAATT TAAAAGGAAA AATAGCCTTT AACGAATTTA CGAAACAAAT TGAATGTTTA 60  
 50 GGGAAAGTGC CATGGAATAC TAATTTTAAG ACACGTCAAT GGCAAGACGG TGATGATAGC 120  
 AGTTTAAGAA GTTATATCGA AAAGATTTAT GACATACACC ATTCAGGTAA AACAAAAGAT 180

55

EP 0 786 519 A2

	ATCGTGGGAT GGACATAAAC GCCTTGAAAA GTTATTTATC AAATACTTAG GTGTTGAAGA	300
	CcTGaAGTGA ATAGAACAAC TACCAAAAAA GCATTGACTG CTGGAATCGC TAGAGTAATG	360
5	GAGCCTGGAT GTAAATTTGA CTATATGCTT ACACTTTATG GTCCTCAAGG TGTAGGTAAA	420
	TCTGCTTTGC TAAAAAAATT AGGTGGTGCA TGGTTTTCTG ACAGTTTAGT TTCTGTTACA	480
	GGTAAAGAAG CTTATGAGGC CTTACAAGGC GTTTGGCTAA TGGAAATGGC AGAACTTGCA	540
10	GCTACAAGAA AAGCTGAAGT TGAAGCTATT AAGCATTTCa TATCTAAACA AGTTGACCGA	600
	TTTCGTGTTG CTTATGGGCA TTATATTGAA GATTTTCCAA GGCAATGTAT TTCATTGGT	660
	ACAACTAATA AAGTTGATTT CTTAAGAGAT GAAACTGGTG GAAGACGTTT TTGGCCAATG	720
15	ACTGTAAATC CAGAGAGAGT TGAAGTGAAC TGGTCTAAAC TAACCAAAGA TGAGATTGAC	780
	CAAATTTGGG CAGAAGCTAA ACACTATTAT GAACAAGGAG AAGATTTATT CCTTAACCCT	840
20	GAACTAGAAG AAGAAATGCG TTCAATACAA AGCAAACATA CTGAGGAATC TCCATATACA	900
	GGCATTATTG ATGAATATCT TAACACACCm ATTCcTAGCa ATTGGGATGA CTTAACTATC	960
	TTTGAACGAA GACGATTTTA TCaAGGTGAT GTTGATATGT TACCcACAGG AAATGTaGAT	1020
25	TACGTTAAAA GAAATAAAGT CTGTGCGCTT GAAGTGTTTG TTGAATGTTT TGGTAAAGAT	1080
	AAGGGAGATA GTAGAGGATC TATGGAAATT AGAAAGATTT CAAACATCTT AAGACAATTA	1140
	GACAATTGGT CTGTATATGA TGGTAATAAA AGTGGGAAAA TTCGATTGGG AAAAGATTAT	1200
30	GGTGACAGA TAGCTTATGT AAGAGATGAA AGTTTAGAGG ATTTAATATA AGAAATATTG	1260
	AATAAATATG CATTTTAGAG TGTTGTATCA GATGTTGCAT CATTTTTTGA GTGATGCAAC	1320
	ACGGGAGTGT AAAAAGTAAT CGTAGGTGTT GTATCATTTT TGGTGATGCA ACATTGATGC	1380
35	AACAAATGAT ACAACACCTC TTTCCTTTCT AGCTGTAGGG TTCAACCCTG TTTGTTTCCA	1440
	ATGTTGCATC AAATTCACTA TAAAGTTTAA AAAGTAGTGT TAGGGAGTAA AGGGGTATAG	1500
40	GGGTAACCCT CTAACAGCTA TTTTAAAAG TTTGGCAAGA ATTGATACAA CATCGGAACA	1560
	CAAATATAAA TTTTGTATAC AAGGTGAATA AATGAAAGAA TCGACATTAG AAAAATATTT	1620
	AGTGAAAGAG ATAACAAAGC TAAACGGTTT ATGTTTAAAA TGGGTCGCAC CTGGAACAAG	1680
45	AGGTGTGCCA GATAGAATTA TTATTATGCC AGAAGGAAAA ACATATTTTG TAGAAATGAA	1740
	GCAAGAAAAA GGAAAGTTGC ATCCTTTACA ArAATATGTG CATAGACAAT TTGAAAATAG	1800
	AGaTCATAAA GTATATGTGT TATGGAATAA AGAACAAAGTA AATACTTTTA TCAGAwTGGT	1860
50	AGTGAACATT TGGCGATTGA CTTTCAAACC ACATAGCTnT CCAAAG	1906

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 680:

55



(A) LENGTH: 948 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 680:

10	AATTATTTGA ATAAATTAGC AATTAAAGAG TTGATTTGTC AGTTTAAGyA TTTGAGTGCA	60
	TTTGAAAAAG ATGTCATGTA TTTAATGTGT GAACAATATA AGCCGAGAGA AATTGCTCAA	120
	TTGATGCATG TAAAAGAGAA AGTGATTTAT AATGCCATAC AACGATGTxA AAATAAAATA	180
15	AAACGTTATT TCAAAATGAT TTGAAAAGCG CCTTAGGACG TGAATTGAAT TATAACGTGT	240
	TACTTACTGA TGGTTTGACA TTTGTTATAA ATTTTATGTA TAGTATACTG GTATTATAAT	300
	GAATAAAGGT GAATTATTGT GAGAAAAATA CCTTTAAATT GTGAAGCTTG TGGCAATAGA	360
20	AATTATAATG TTCCTAAGCA AGAAGGCTCG GCAACAAGAT TAACCTTAAA GAAATATTGT	420
	CCAAAATGTA ACGCGCACAC AATTCATAAA GAATCGAAAT AAATACATTC GAAATAATAC	480
	TTTGATAATA TGTTCAAAGG ATTTGGAGGT TGAGCAGATG GCTAAAAAAG AAAGTTTCTT	540
25	TAAAGGCGTT AAGTCTGAAA TGGAAAAAAC AAGTTGGCCG ACGAAAGAAG AGCTATTTAA	600
	ATATACTGTA ATTGTAGTTT CTACTGTTAT ATTCTTCTTA GTCTTTTTCT ATGCCTTAGA	660
30	TTTAGGAATT ACAGCATTTGA AAAATTTATT ATTTGGTTAG AGGAGTGAAG ACATGTCTGA	720
	AGAAGTTGGC GCAAAGCTTG GTATGCAGTG CATACATATT CTGGATATGA AAATAAAGTT	780
	AAAAAGAATT TAGAAAAAAG AGTAGAATCT ATGaATATGA CTGAACAAAT CTTTAGAGTA	840
35	GTCATACCGG AAGGAAGAAG GAAACCTCCA GTAAAnAAGnT GGCCAAGCCT AAAACCGCCT	900
	GTТААААААА ACCATTCCCC TGGGnTAnGG TTTTAAGTGG GAATTТАА	948

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 681:

40

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 863 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

45

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 681:

50	ACAnATAATA ACAAAGCGCT TGCTAGTACC TCTTAAAAAG ATGATGCTAG CAAGCGCTTk	60
	TCTATACTAT ATATTATTTT TCTAAAATTT TAACACCCTC TTGAGTGCCT ACAATAACTT	120
	GATCTGCCAT ATCTAAGAAG TATCCTGTCT CAAACACACC TGTCAGATGA ATTAAATACT	180

55

TATCAGTTAT AAATGCGACA TCTTCGTTTA CACGACGTTT TACTTTTATA TCAGCGTATG 300  
 ATTCAATTTT ACGTAATATG TGATAACCAGT TAAATTTATC CACCTCTACT GGTAACCTAA 360  
 5 ACGTCTCACC TAAGTATTGA ACTATTTTCG TTTCATCGAC AACCACAACA AAACGCGATG 420  
 CCATTTTCATC TATAACTTTC TCTCTGAACA GCGCACCACC GCCACCTTTA ATTATATTTA 480  
 AAGATGGATC TACTTCATCA GCACCATCAA TTGCTAAGTC GATATGATCA ACATCATTGA 540  
 10 TTTCACATAT TTTAATACCT AATTCTTTTG CTAAAAATGC AATTTTATTA GAAGTGCATA 600  
 CACCTGTAAT ATTGTAACCA CGTTCTTTAA TTAGTTGCGC CATTTGAGGT AAGAGTAATT 660  
 CCATTGTACT TCCTGTACCA ATTCCCAGCG TCATGTCACC ATTGATTkGA CTTAAACAT 720  
 15 CATTTAATGT CATTAACTTG AGTGCTTTGA CATCTTTCAT GAAGGTAGCC TCCCATATTT 780  
 AtGTAATCTA TTCAATTCAT ATTTTACATG ACTCGTATAA ATTAACATAC CCTTATnGCT 840  
 20 AACCATTGT GTTAAACATA TCG 863

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 682:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 25 (A) LENGTH: 480 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 682:

TTCATTTTGG TTGTTTCAGCA ATTTTGGTCC GAATTTCAAT TCATCAGATG ATAGCTCTAT 60  
 35 TAATTCTGTA GAATATTCTG CtACAACAAT TTCATAAATA TGGCCTTTTT CTTCCATTAT 120  
 TATTTTCATCa ATTATTTTCAT AATTCAATTG TTGTAATGTT TGTCTTAAAT TTTCAGTTTG 180  
 GATATTACTT TGTAATAATCA ACCTTGGATG TTGACTTAAC TTATCTTGCC CATCTTTTAA 240  
 40 AATTTTAGCA ATAAGTGGTC CGCCCATACC ACAAATTGTG aTATTATCGA TTACGTCCTC 300  
 AGGTGAATA AACTTAAGC CATCCCCTAA ACGTACATCA ATTCTATCTA CTAATTGGTT 360  
 TGCAGCTACA TTTTTCACAG CAGCTTGAAA AGGGCCTTGA ATAACCTCTC CAGCAATAcc 420  
 45 GaTTCGCATA AATGGTTTTG AATTGCATAG ATTGGCAAAT AAGCATGATC TGAGCCAATA 480

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 683:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 50 (A) LENGTH: 689 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

55

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 683:

CTGCAAAAAA TATTGGTATA ATAAGAGGGA ACAGTGTGAA CAAGTTAATA ACTTGTGGAT 60  
 5 AACTGGAAAG TTGATAACAA TTTGGAGGAC CAAACGACAT GAAAATCACC ATTTTAGCTG 120  
 TAGGGAAACT AAAAGAGAAA TATTGGAAGC AAGCCATAGC AGAATATGAA AAACGTTTAG 180  
 GCCCATACAC CAAGATAGAC ATCATAGAAG TTCCAGACGA AAAAGCACCA GAAAATATGA 240  
 10 GTGACAAAGA AATTGAGCAA GTAAAAGAA AAGAAGGCCA ACGAATACTA GCCAAAATCa 300  
 AACCACAATC CACAGTCATT ACATTAGAAA TACAAGGAAA GATGCTATCT TCCGAAGrTT 360  
 15 gGcCCAAGAA TTGAACCAAC GCATGACCCA AGGGCAAAGC GACTTTGTTT TCGTCATTGG 420  
 CGGATCAAAC GGCCTGCACA AGGACgTCTT ACAACGCaTA AcTACGCACT ATCATTcAGC 480  
 AAAATGACAT TCCCACATCA AATGATGCGG GTTGTGTAA TTGAACAAGT GTACAGAGCA 540  
 20 TTTAAGATTA TGCGAGGAGA GCGTATCAT AAGTAAACT AAAAAATTCT GTATGAGGAG 600  
 ATAATAATTT GGaGGGTGTT AAATGGkGGa CaTTAAATCC mCGTTCATTC mATATATAAG 660  
 ATATATCACG GTAATTGCGC ATATAACTT 689

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 684:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 858 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 684:

TTATTAAATT GGTATGTGTT CATTATACAT ATGaCAAATA TGaATGTAAA CCGATAATTT 60  
 AGATTTTTTG GAATAACCTG AAAATTCAAG TTaTAGCGTT GCTTATATTT TAAAAGGTGG 120  
 40 TGATAATGAG ACTTTTTGAA AAATAAAATT CAAAATACTT ATAGCATAAT CAATATGCAC 180  
 ATTAAATAAA TGTACTCTTT TAATGCGTTG ATAAGTGTAT TTGTAATTTA GAGAAGGGGT 240  
 GTTCACTATG CTGATGTGTT AAAAAATAAA ATAAAAGGA CACCTCGATG CTATAAATAT 300  
 45 TAGCATCGAG ACGCCCAGTT AATGTCTATT AAATTGAATA TAGTCTCGGA CATGAATCAA 360  
 TGCCCTAGGC CCTGCAATGT TATATTGACA GTAGTTGACT GAATGAAAAT GACTTTGTAG 420  
 50 CTAGCTTTTT TCAATCCTTG TCGGTGCAAC ACATAGAGAA ATTGGATTCC TAATTTCTAC 480  
 AAACAATACA AGTTGCGGAA TAAGTCCCAA TATAGAAGGT GACAGTAAGC CAACTTACAA 540  
 TAATGTGCAA GTTGGTCGGG CCTCAATACA GAGATTTTCG AAAAGAAATT CTACATATTA 600

GCCACCTTGT TTATTTAAAT CGATAACACG GTTTGCGATT GTATTGATAA ATTCAAAGTC 720  
 ATATGAAGTA AAGATAATAG AACCTTTGAA TGATTTAAGT CCATCATTAA CAGCAGTAAT 780  
 5 ACTTTCTAAG TCTAAGGGTT GTGGGTCATC AAGTAAAAGA CGTTGCCCTG ATAACATCAT 840  
 TTACTAGCAN CACGACTT 858

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 685:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1747 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 685:

20 TTAGTATTTT CAGGnTGGA ATTGATGTTT GAAATTCAC T GAAATGGGCC AGAACCTgAA 60  
 ATGaAACTTT ACCAACAATT TGGtCTTCAT CAATGAGGCC AAACGCACGG CTATCTTTAC 120  
 TTACTTCACG ATTATCTCCA AGCACTAAAT ATTTACCTTT TGAATGACA TTTGATTTAG 180  
 25 GATTGCGATT CGGTAAATCT TTAAC TTGGA AAGTCCCACT AATGTAATCA CCTTGTTTAT 240  
 GTTTTAAATT GTAGTTTAAA TATGGTTTCAT CTGTTTTTTT ACCATTGACA TATAATGTAT 300  
 CATTTTGTGA TTCTACTTTA TCACCAGGAA CACCGATGAC ACGTTTAA CA TAGTCATCAT 360  
 30 TTTTGTTTGC ATGGAAGACA ACTACATTAC CTTTTTCCAA ACCACCTGTT TTATATCCAA 420  
 CAATGTTTAC AGCTACTCGC TCGCCATCTT TCAAAGTTGG ATCCATTGAT TCACCTTTAA 480  
 35 TTGTATATGG CGTAACAATA AATTTACCTA CTATAAATAA AATGACAAAA GCGACTGCAA 540  
 TTGAAATAAT CCATTCCAAT ATTTCTTTTT TCAATTTTGA CACCTCTTTT TAAGATTTGA 600  
 ACTGAACAGT CCATTTTGAA AAAGGATAGT ATCGTAAACt AACATTACCA ATAATAtCCT 660  
 40 TTTTATCGAT TAAACCAAAT TGTCTTGAAT CGTGCTTGtK ATTATCTTGA TCATTTAGCA 720  
 CAACAAAATT GTTTGGCGGA ATAATATCAC CATCTAATTC TTTAAAATTG CGCAAACATA 780  
 AATCTTTAAT TTTTCTGTTC TTGGCATAAG ATGCGTCAAC CGGTCGGTCA TCACGGTATA 840  
 45 ATTGTCCCTG ACGAAACGCC ATTGATTGAC CAGGTTTGGC AATAATTGCA CTAGTATATA 900  
 TCTCGTTACC ACGCCTATAT GTAATGATAT CACCATTATT CAATTGATTA AATGTAACTT 960  
 50 TAATTTTATT TACAATAACA CGATCCCCTT TGTTAAGGGT TGGTGACATA TCATTATTCG 1020  
 GAATGACATG ACCAACTATT ACAAAGTTT GTACGAACAG TACAATGATA ATAGCAAGTA 1080  
 TCAATGAAAT CAAATATTTT ACAACTTTTT TCACGATGTC ACTCCTTTTT CGATCCCATA 1140

ATCCCTCTTA AAGGATGCGT TAAAATTGTA GTAATTTTCCT TACCTAAATA ACCTAAAATA 1260  
 ATTGTTGAAA CTAACCTTGA TGATGCCAAA ACAATGAAAT AATATTTAGG TCTAATATGA 1320  
 5 GATAGACTCG CTACAAAATT TATTAATGTA TTTGGCGTAA AAGGAAAACA AAGTAAAATA 1380  
 AACAAATGGGA TTAATCCTTG GCGATCAATA AAATAATCA AGCGTTGAAC AGCAGTACGT 1440  
 TGTTTAATTC GCTGCATCCT CTCAGTGTTT ACCAATCGTT TACAGATCAA ATAGACTGTA 1500  
 10 AATGTTCCAG AAATTAATCC AAGCCAACTA ATCAATATAC CTAAAATAGG TCCATAAGCT 1560  
 TGAATGTTAA TTAAAATATA GAGTGCTAAA GGAAATACTG GAATTATAGC TCTAATATAT 1620  
 AACAAATATA ATCCAGGTAA ATAACCAAAC TGTCGAAATA TCTCAAACCA TTCTTCTACT 1680  
 15 TGATGAAACG ACAAATCATC AATCCCTTTC TTTGGTTGAA GATAATTATT CTTACATTAT 1740  
 AAAGTTA 1747

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 686:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 645 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 686:

30 CGTAAAGATT ACTATTTAGG AGGGTGACTA TGAAAAAGAA ATTAGGTATG TTAATTCTTG 60  
 TACCAGCCGT AACTTTATCA TTAGCCGCAT GTGGGAATGA TGATGGAAAA GATAaAGATG 120  
 35 GCAAGGTAAC AATTwAAcGa CaGTTaTCCm TTGCAATcAT TTgCAGAGCA AATTGGTGGA 180  
 AAACACGTGA AGGTATCATC AATCTATCCA GCAGGGACAG ATTTACATAG CTATGAACCA 240  
 ACACAAAAAG ATATATTAAG TGCAAGCAAG TCAGACTTGT TTATGTATAC AGGGGATAAT 300  
 40 TTAGATCCGG TTGCTAAGAA AGTTGCATCT ACTATCAAAG ATAAAGATAA AAAACTGTCT 360  
 TTAGAGGATA AATTAGATAA AGCAAAGCTT TTAAGTATC AACACGAGCA TGGTGAAGAG 420  
 CATGAACATG AGGGACATGA TCATGAGAAA GAAGAACATC ATCATCATCA TGGTGGATAT 480  
 45 GATCCACACG TATGGTTAGA TCCTAAAATT AACCAAAGCTT TCGCTAAAGA AATTAAAGAT 540  
 GAATTAGTGA AAAAAGATCC AaAACATAAA GATGACTATG AGAaAAACTA CnaAAATTAA 600  
 50 ACCACGATCT TAAGAAAATT GATAACGATA TGAAGCAAGT TACAA 645

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 687:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 956 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 687:

	TTTGTTACTG CTTCTAAAAT AATATCCTTT AATTGTTTAA CATGTTGGAT TGTCATATGA	60
10	GGTGATGGTA CATTAAAAGG ATTTAATTCA TCTATTGTG CATATTGATT TATGACATCT	120
	TGATGCATTG AAATAGGGTT GATATCATT GTTACTACTT TATTAGATTG GTCTTGTGAC	180
	ATACTAATGG TGCCACCAGT ATGAATAACA AGTAGATGTT TCATATATTT CCTCCTATAT	240
15	TTAATTTACC TAATTATGAT AAAATATTAT TCATAAAACG ACAAGGAAGG GAAATGACGC	300
	ATGAAAGCCA TTAATATTGC ATTAGATGGT CCAGCTGCTG CCGGAAAAAG TACAATTGCG	360
	AAACGTGTAG CCAGCGAACT ATCAATGATT TATGTCGATA CAGGAGCAAT GTATCGTGCA	420
20	TTAACATACA AATATTtAAA ATTAAACAAA ACTGAGGACT TTGCAAAACT AGTTGACCAA	480
	ACAACATTAG ATTTAACTTA TAAAGCAGAT AAAGGTCAAT GTGTCATTTT AGATAACGAA	540
	GATGTAACAG ACTTTTTTAAG AAATAATGAT GTGACGCAAC ATGTTTCATA CGTTGCATCT	600
25	AAAGAGCCAG TACGTTTATT CGCCGTTAAA AAACAAAAAG AGTTAGCTGC AGAAAAAGGT	660
	ATCGTAATGG ATGGTCGCGA TATCGGAACT GTAGTGCTAC CAGATGCAGA TTTAAAAGTA	720
30	TATATGATTG CATCAGTTGA AGAGCGAGCA GAAAGAAGAT ATAAAGATAA TCAATTAAGA	780
	GGTATCGAAT CAAATTTTGA AGATTTAAAA CGTGATATTG AAGCTCGTGA TCAATATGAC	840
	ATGAACCGTG AAATATCACC ATTAAGAAAA GCAGATGATG CAGTGACATT AGATACGACm	900
35	GGCmAGTCGA TTGAAGAAGT TACTGACGAn ATTTTAGCGA TGGTGAGTnC AATTnA	956

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 688:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

40

(A) LENGTH: 1166 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

45

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 688:

	AAAAGGGAGG AAAGAGAACA GTTAAATATG AATACAAAAT AATTTTGTTT TCGGACAGCA	60
50	GGGGTATTAG ACGCGATTGA CAATGTCTGT TTAATTAAAC GTAATGTTTA TTTAAGCGAT	120
	GAATATTAGG TGAAAAGTTT TTGAATTTGA ATGTAATTGA GGTttATTGA TTAGACATTT	180
	TATTGAATTG CGTGTTATTA TATAAATGTA AAAATAAGAC GACATGCGCG AACATGTCGT	240

55



	TAATGCGGAA TGGTTTTTTT ATTTCCGCT AATTGAAATA AAAATGACGT TTAAATATAT	360
	TATGGGCTAG GTGGTTTGTA AGAAAGGGT AGTTATTAAT GTTTTATGAA TTAAGGAAAT	420
5	TTGAGTTTAA GGTTTAATCA ATTGTGATTT TGTTGATGAA GCGTTTAGTT AGAGTATTTT	480
	CGCCACCACT AGTTACTCCT TCTCCCACTT TACCCGAGAC TGGAGAAGAg CTATCTGAAG	540
	AATAAATAGA TACTTTTTGG CCATTTTGTA GTAAACCAAG ACCTTTTAAC TkCTCGGTTA	600
10	GAGAATTCCA TGTATTTTGA GCATCTAGCT TTTTGTTAAA GTCAyCGTAG ACATTTTCCT	660
	TAGTTAAATC AATTTGTTTT AATCCTTTAA AGTCTATAGA TTGTGTTAGA TGGCCTCCAT	720
	CATCATTTCC AGGAGCAGAA ACGCTGCTAG AATATCCATT GCTTAATAAA TAAGTAACGT	780
15	TGATTGTTTC GTACTCGTTA CTAAAATAA TATCAGAATC ATGTAAgAAT CTTTAACTTT	840
	TTCCATAAT TGACCATCTG TCATTTTTTC TTCTGCTTTA GCCGTTTTAA CAACTTTATT	900
20	TGTATCTAAT CCTAAGTATG AAGAATGTAA GCCTGTTCCCT AATGTTGTTA ATACTAAAGC	960
	ACTTGCTACT aATGTTTTAC CTAAAAAttT TGTATTCATT TTTATTGCTC CTTtTTTTAT	1020
	ATTGTAAACG TTTACAATGA AAATATAATA ATAATTTTTT AAAAGAACAA TTAActAAAT	1080
25	ATCAAAAATG TATTAActAT CTATTAActA AAAAATAGAA TAATTTTTTA ACATAGTTTT	1140
	GTTGTTTTGA ATTATAAAAA CTAAAG	1166

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 689:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1083 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 689:

40	AGCACTGAAG GATGGCTAGT TGTCATAGCA TATGCGGTCA TTGGTATAGT TATAACGAGC	60
	GTTTCTTATA TGTTGTCTAT TAAAATTTTT AACAAACAAG AACTAKAATT GTCGATTTTG	120
	GTGATGATAG TATTTGAAAT AATATTTAGA GCAGGTGATA AATCTTTACG ATTGTCATCT	180
45	GTTCTTTtkG GTGTGGAATG AAATGTGGGG GATAAGTATA GGTGACATAT CTATATTGAT	240
	TTATTTGTTT TGAGGTGGTT ATGTTGTGTG GGAATTATTT CCTTTTAGAT AGCGGGGATT	300
	AGAGGATATA TGTTATTTAT AAGTATCATT TGATGATTGT ATAGGCTAAC GATTTCTCTG	360
50	GAAATATTTA AAAACCTCGA TCATGTAGCA TAACTGAAGT TTGTCACAAA AGTATAATGT	420
	GAAGTTCGAC ACTTTTGGaT TCAGTTCAAA TACTTTGACC GAGGTAAATA CTATTTATTC	480

TGATACTGAG ATAATCATTa CATGGTCGTG ACCTTTAAAT AAAAGGCTGA CAATATAAGA 600  
 CATAACGAGT ATACCTAGTG AATATGAAAT ATACTTCGCG TTTGTCAGTT CATTATGGAA 660  
 5 ATAAGGCGTG ATTAACCATA ATCCAATATA GAATATTAAA ACACTGATAT ACATCATATT 720  
 AATTTCAAAC AAGTCATTTA GTTTATTGTT ATTACTAAAA ACAATTGCAG CATTAATCAC 780  
 ACCTAAAGCG ATATTGATTA ATAGATGCGT ATACGATAAA CGGAAACCGA TAGATGTTAA 840  
 10 TTTATGATTA ATATAATTTT CAGTAATGAT CCAATATACA CCGAAAAGAC TAATTAAAAT 900  
 CATAAATTGG AATATATAAA TGTAACATAA ATGATCAATG CTAAATGATG ACGAAGCTAA 960  
 ACCAACCAGT ACCTCGCCAr AGWTAtAATT GTTAGTAACG AAAAACGTCT ACTAAATGCA 1020  
 15 TCATATTAAC AGGTnTAATA CAAGTATTTTc TGAAATGGAA TAAGnCTGTC GCTGCATGAT 1080  
 ACG 1083

20 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 690:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 627 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 25 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 690:

TTAATCATCT GGATGTATTT AGTATTnAGA ATAATAAnAA AACGATCATG TTGTATtTGA 60  
 GTAGCGATTG GTTTGCGGAA TTAGGCTTTA CTTTCTTTAA TTACCACTAT ACAGCAAAGT 120  
 35 TGATTAAATC ATCCTATAAT TTGAAATGTC TACTATTAAA ATTGACATAT CGATACCTTG 180  
 ATAATCAGCC TCTTAATGAC GCTGATayTA GAAAATTACA GGATATTATT AAAATCATTG 240  
 CAAAAGAAGC AAGTATGGAT AAAAAGATTG CACAAAATCA ATATCGATAT GCGTATTATG 300  
 40 GTGATTTGCG TGATGAGCTC GAATATATTT ATCAAAATGT AAATCAACGA TTGACATTAA 360  
 AAAGTGTCGC TGATAAATTA TTTGTCTCAA AGTCAAATTT GTCATCACAA TTCCACTTAC 420  
 TTATGGGCAT GGGTTTTAAA AAATATATTG ATACTTTGAA AATnGGTAAA TCGATTGAAA 480  
 45 TTCTACTTAC TACTGATAGT ACTATTAGCA ACATAAGTGA nCATTTAGGT TTTAGTAGTA 540  
 GCTCCACTTA CTCTAAAATG TTTAAAAGTT ATATGGATAT CACACCGAAT GAATATCGTA 600  
 50 ATTTATCAAA ATATAATAAn TGTTTAC 627

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 691:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 641 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 691:

	TTGAACGTAA TGCTAGCAAA TGACTTTGTG CCATAAAATA TTCTTCCCAT TTGATTCTTT	60
10	CCAAGATGTT CACCTTCCAT ACTTAAAATT TAGTAACATT TTCTAATAAT ATAAGATTAA	120
	TCACAAAAAA TAAAATTTGC AATTAAAATA ATCCATTATG TCGTGAAATA AGATTTTCAGT	180
	TTATCAAAAG TTTTACTTCC AAAACCTTTT ACTTTTTTCA AATCGTCAAT TTCTTGAAAT	240
15	GCACCTTGTT GGTGCGATA TTCAACAATT GCATTAGCTT TAGCTTGCCC AACTCCAGGA	300
	ACAGACATCA ATTCTGATAC AGATGCCGTA TTTAAATTTA CTTTAGTATT ATTTGTGTTC	360
	CCaTTTTTTT CGTGCACT GTTTACTTCA ATTTGTGGTT CAACATTCTT TTGTCCTTTA	420
20	TGAGGTATGA AAATCATTTT TTGATCTGTT AATTTTTCAG ACAAATTAAT TTGACTTACA	480
	TCTGCATCCT CCAATAATTG TGCTTTATCA AGTAAATCAA CTACTCTATC CTTAGATGTC	540
	ATTTTATAAA CATTAGGATG TTTAACAGCA CCTTTTACAT CGACATATAC AGGACCCTTA	600
25	TTTTTGGAAT TATCTCCATC TTGACCTGG ACATCTTCTA C	641

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 692:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 631 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

30

35

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 692:

TATTAAAGnA CTTGATGAAC CAAATCATAA AAAGCnATAT ATGTTATTTG CAGCTGGCAT	60
TGTGTTnGCA ACTATTTTAC TTATTTTCGGC ACATTTATAC AGCAGAAAGA GAGGTAACCA	120
AGTTTGAGAA TCATAAAGTA TTTAACCATT TTAGTGATAA GCGTCGTTAT CTTAACCAGC	180
TGTCAATCTT CCAGTTCTCA AGAATCAACT AAATCCGGCG AATTCAGAAT CGTACCAACA	240
ACTGTTGCAT TGACAATGAC ATTGGACAAA TTGGATTTAC CAATTGTCCG CAAACCCACG	300
TCATATAAGA CATTGCCTAA TCGTTATAAA GATGTACCGG AAATTGGTCA ACCAATGGAG	360
CCGAATGTTG AAGCTGTTAA AAAGTTAAAA CCAACACATG TTTTGAGTGT GTCAACGATT	420
AAAGATGAAA TGCAACCATT TTACAAACAA TTAAATATGA AAGGCTACTT TTATGATTTT	480
3ATAGTTTAA AAGGGATGCA AAAGTCGATT ACACAATTAG GTGaTCAATT TAATCGTAAA	540

55

GCAGCTAAAC AAAAGAAACA TCCCAAAGTA T

631

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 693:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1111 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 693:

15	AATTTAACTA TGTTTTCCAC ATTGTTTCAT GTCACGAAAA GGACAACGCG CGACTATAAG	60
	TATCAACTAT TTCCACAAGT TTTATTGGTG TTTTATTAT TCATCGATAC GCTTCATTTT	120
	CATCTCTCCA ACACAAAAAA GAAGCTAAGC AACTTATGTT GCCTAACTCC TCTATACTAT	180
20	CCATATTTTA CTATTATCCA TATTTCAATTG AATTATCTAA TGTGGGcTTC TATTTTTTCA	240
	ATATTTCTAC CGTCAATGAC GTCACCTCATG CGATTTGTTT GTAATTTTTT ATTAAGTTCA	300
	AACGTATAAT AGCCGCCATC TTTCATTATC ACTTTTATCT TACTATCTTT AGGAAACTTT	360
25	TTATACAGAT CAAAATTTTG AATTAAATAC TGTCTCAATT TAAAGTCGAG TTCTTTAAGT	420
	GAAATCTCTT CTTTATAAAT GTAGTGTACT CTACCGTACG TAGCAATACC GTCACCTTCA	480
	TCTCTCTTGA TTTGAAATCT TGGTGCGTTT ATATAATCAT AATAAGCGTC TTGATTTTTC	540
30	TTAGTGACAC CACCATATGA AAACACTGTG CCATTACGGT TTTCCGCTTC TTAAACAACA	600
	AATATGTCTA ATCCCGGATT TTTACGTGCT TTAAATCTTT CAATATCTTT ACCAAATATC	660
35	TGTACTCTTG TGAATTTTCT ATTTTATCA AAGATAAGGT AATGCTTGCC ACCTTTGCTA	720
	TAACGATAAC CAGTAACATT TTTAAGTTCC TTACTTGCGC CACTATAGTA ATCTCTTAAG	780
	TCAAAGATAT CTTTGTGCAC ATTTTCATAT TTTGCTTTAT GTTCACTCGC ATTTACAGTT	840
40	TGATGCAATG ACGTTATTGT TCCTGTTGCT AAAATACCTA ATGCTAAACT TGCTTTCGCA	900
	ATTGCTGTCA TTTTCATAGT TGTATGCTCC ATTCGTAATT ATTAGATTG TTCGCTTACG	960
	TCTATTGAAT CATAAGCTT TATTATAGTT AGCGTATTTG ACCTTTCACA TTAAACCATG	1020
45	TTTAATAATC ATTGAATCAT TATTAAGTAA ATTAAGGAtC TATAATGTTC GTTAAATAAA	1080
	CTGAnCCCCGT TGTGCTTCAC ACCCGnTnGA T	1111

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 694:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 426 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 694:

5 TTATGGATGG ATTAAGAGGT CGTGTGAAA AAATCAACGA TAACTCTGTT ATTGTTGACT 60  
 TAACAATTAT GGAAAATTTT AATGACCTTG ATTTACCGGA AAAAAGTGT ATCAATCATA 120  
 AACGATATAA GATTGTTGAA TAAGAAGGTA AGTTATAATG AATAAAATCT CGAAGGCTTT 180  
 10 AACTTGGTTT ATTATAAGTT TCATTATATT TCATCTCATA TTATTTATTA TGTGGGGCGA 240  
 ACACCAAGAA TACTGGTATT TATATACAGG TATAATGCTA ATTGCTGGTA TCAGTTATGT 300  
 ATTTTATCAA AGAGATATTG AATCTAAGCG GTTGCTTACA TCAATTGGTG TTGGTATTAT 360  
 15 TACGGCAATT ATTTTAATTA TGCTTCAACT TTTATkCTCA CTTATAACTT CTAATTTAAG 420  
 TTATAG 426

## 20 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 695:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 737 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 25 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 695:

30 AAAAGGGGnG TAAGGTTTAG CTCAAGTACG AGAAGTCTTT GGTGATGAAG CAATTGATGA 60  
 AAATGGTGAG ATGAATCGTC GTTATATGGG TGATCTAGTG TTTAATCATC CAGAAAAACG 120  
 CTTAGAATTA AATGCTATCA TACATCCTAT CGTGCGAGAT ATTATGGAAG AAGAAAAGCA 180  
 35 AGAATATTTA AAACAAGGAT ATAATGTAAT CATGGATATT CCATTATTAT TTGAAAATGA 240  
 ATTGGAAAAT GCAGTAGACG AaGTGTGGGT TGTATACACT TCTGAAAGTA TACAAATGGA 300  
 40 TCGTTTAATG CAACGTAATA ATTTGTCATT AGAAGATGCG AAAGCACGTG TCTATAGCCA 360  
 AATTTCTATT GATAAAAAAA GCCGAATGGC CGATCATGTT ATCGATAATT TAGGGGATAA 420  
 ACTTGAATTA AAACAAAACC TTGAGAGATT GTTAGAAGAA GAAGGTTATA TTGAAAaGCC 480  
 45 GAATTACGGA GAAGAAGATT AATATTACAC TATAAATAAG TCATTACTTT ACGTACGCGT 540  
 TGATGTATGT AAGTAATGAC TATTTTTTAT AAAAAAGATA AATAAATCAA CGGAAAACGC 600  
 TTTCAAATTT CATATAATAT GCTATACTAA TTCCATAAAG TATAACACAf AAAGATCAAG 660  
 50 GGGTGCTTTT AATGTCAACG AATATTGCAA TTAATGGTAT GGGTAGAATT GGAAGAATGG 720  
 TATTACGTAT TGCATTA 737

55

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 432 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 696:

AACGATAAGA ACAAAGATA TATTACAAAG CGTTTATTTA AAACGTTATT TATTACGCGC 60  
 GATGATGGCA GGATTATTAT TCGGGATTAT TACGGTCTTC GTATTATCAG TTAAAGCAAC 120  
 ACACGAACCA GATTTACCGC CAGgCATTGT GAATATGGCC AGTGCCATTA CATTGAGCTT 180  
 TCGGTTAGTA CTCATTTTAT TTACAACTC CGAACTACTA ACCAGTAACT TCATGTACTT 240  
 TACTGTAGGC CTGTATTmTA AAGTAATTAA ACCAACTAGA GTATTGaAAA TATTTTTATT 300  
 ATGCTTTGCA GGAAATATTT TAGGTGCTGC TATTTYATTT AGTTTCATGC GTTTTTCAAA 360  
 TGTAATGACG CCAGATAwGt TAAAYCAGTT ATCAGCAGTT ATAGAGCATA AAACGTTGTC 420  
 TACTGGTTTT GT 432

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 697:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 782 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 697:

CTTTTATACG AAAGTTAAaA TCAAATATAA CATTAAATGTT TGATGGGGAT TTTGCGGGTA 60  
 GTGAaGCAAC ACTTAAACA GGTCAAAATT TGTTACAGCA AGGGCTAAAT GTATTTGTTA 120  
 TACAATTGCC ATCAGGCATG GATCCGGATG AATACATTGG TAAGTATGGC AACGATGCAT 180  
 TTACTGCTTT TGTAaaaaAT GACAAAAAGT CATTTCACAA TTATAAAGTG AGTATATTAA 240  
 AAGATGAAAT TGCACATAAT GACCTTTCAT ATGAACGTTA TTTGAAAGAA CTAAGTCATG 300  
 ATATTTTCGCT TATGAAATCA TCGATTTTGC AACAAAAGGC TTAAATGAT GTTGCACCAT 360  
 TTTTCAATGT TAGTCCTGAG CAATTAGCTA ACGAAATACA ATTCAATCAA GCACCAGCCA 420  
 ATTATTATCC AGAAGATGAG TATGGCGGTT ACATTGAACC TGAGCCAATT GGTATGGCAC 480  
 AATTTGACAA TTTGAGCCGT CAAGAAAAAG CGGACnAGCA TTTTAAaAC ATTTAATGAG 540  
 AGATAAAGAT ACATTTTTTA ATTATTATGA AAGTGTTGAT AAGGATAACT TCACAAATCA 600



TATCAGTGAT GCTGTGCAGT ATGTTAATTC AAATGAGTTG AGAGAAACAC TAATTAGCTT 720  
 AGAACAAATAT AATTTGAATG ACGAACCATA TGAAAATGAA ATTGATGATT ATGTCAATGT 780  
 5 TA 782

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 698:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 714 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 698:

AAATCATTGG CAAAATATAC GAATTGCATT TAAATCGTCA ATTTACATAT ATTTTTCGCT 60  
 20 AGTAATCAAT CGTTATCATT GTTATTTATC GTTACATTAT TTCGAGTATC AGTATGTATT 120  
 TCGGGCTTCG TTTGATAACG ACATTTCTTT GTGACATCGC TTCATCAGTG TAACAACAAA 180  
 TACAATGATT TCGTGATGTT AGTTACCCAT TTTATGTGTT GCATAAAATA TGTTGTTATA 240  
 25 AAACATTTTA AATCATTTTA TATAAACAAT CTATATATTT TTGGCATTTC CAAAATATCA 300  
 CTTGTTATAT TAAAAACCGA CAAGACATTT TATCTTATCG GTTGAAATTT GTTATTGTTA 360  
 TTTGTAATGT TTTTAGGTTT CTTTTTAATA TAATATATTT CAGTGAAAAT ACATGATTGA 420  
 30 TTGTGATTTT ACTGAAACAT GGTTAATTGC GTTGTTGATG AATAACTTTA GCATAAATAT 480  
 AGGAAGTTAT TTTGTACATC GCCATATATA GAAACGAAAT TATAATGACA GCTAGTACGT 540  
 AACTTGTTAA AAATATATGA TGGTTATTAA TACCTATCAT ATTTAGTAAC GTATATACAA 600  
 35 TGTTACTAGA AATTAATGTG TGAATCAGTG CTACTGTTAT TGGTATCGCG AACAAAGAAAG 660  
 TCATTTGATT TCGTGTTATC TTTGCTATTC TTCCATTATC TAAACCAAGT TTTT 714

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 699:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 361 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 699:

ACTGAGAGCA ATAATTTAGT AACTTCTACT CAAGGAATTA TTAAAGAAGC ATTGCATAAA 60  
 TTGGGATTTG nntTTTAATTA AAGAACCTTT AAGAATGTTA CAAGTGCGTA TCCCTGTACG 120

TGGACCAACA AAAGGGGGCG TCGTTTCCA CCCAGATGTT GATGAAGAAG AAGTAAAAGC 240  
 ATTATCAATG TGGATGACTT TGAAATGTGG CATTGTGAAA CTTACCATAC GGTGGTGGTT 300  
 5 AAGGGTGGTG ATCGTTTGTG GATCCACGTC AAAnGAGCAT TCCATGAAGT TGGAACGTTT 360  
 A 361

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 700:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 943 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 700:

GTCCTTAATT GGTATCCACC TTAGCACCG CGTACACTTC GAATTAACCC CGCATTCTT 60  
 AAAGGACCTA CAAGCTGTTT TAAATATAAA TCACTCAAAT TATTTTCTTC AGCAATTGAC 120  
 TTTAATGATA TACATCCTTG CCCCTCTTTT TTAGCAAGAG AAATCATCAA TGTAAGTCCA 180  
 25 TATCTCCCTT TAGTAGAAAT TTTCATTGTA TAACCTCACT TAATTCGAAT ATTGATATTC 240  
 CCATTTTAGC ATTTTTTGAG TTAAGATAGT ATAAGAAAGG TGTGACAAAT GTGAGTACAG 300  
 AACCATTAGC ATCGAGAATG CGCCCAAAA ATATAGATGA AATCATTTCC CAACAACATT 360  
 30 TAGTTGGACC AAGAGGCATT ATCAGAAGAA TGGTTGATAC AAAAAATTA ACTTCAATGA 420  
 TTTTTTATGG TCCACCTGGT ATAGGCAAAA CAAGTATTGC CAAAGCAATT TCGGGCAGTA 480  
 CGCAATATAA ATTCAGACAA TTGAATGCTG TAACTAACAC TAAAAAGAT ATGCAACTTG 540  
 35 TTGTTGAAGA AGCTAAAATG TCTGGTCAAG TTATCTTGTT ATTAGATGAA ATACATCGAC 600  
 TAGATAAAGC TAAACAAGAC TTTTATTAC CTCATTTAGA AAATGGCAAA ATCGTCTTGA 660  
 TCGGTGCTAC AACTTCAAAT CCTTATCATG CTATCAATCC AGCGATTCGT TCAAGAGCGC 720  
 40 AAATTTYCGA GTTATATCCT TTAAATGACG AaGATGTGCG CCAAGCGTTA ACTCGTGCAA 780  
 TAGAAGATGA TGAGAATGGT TTGAAAmCAT ATCaACCCAA AATTGATGAA GATGCCATGA 840  
 45 CCTACTTTTC TACACAAAGC CAAGGTGATG TTCGTAGTGC GTTAAATGCA TTGGAATTAG 900  
 CTGTATTAAG CGCAGATAAT GACAAAGACG GTTATCGACA TGT 943

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 701:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 445 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 701:

5 CATTAAGTGA AGTTGTTGAT ACACCCATGC ATCAAGTCAA TTGTTCTGTT GATTTAGATA 60  
 CAGAAAGCTT ATTAGGCTTT AAAACAATTA AAACAAATGC GGAAGGTCAA CAAGAAATTG 120  
 TCTTTGTAGA TGGTCCAGTT ATTAAAGCTA TGAAAGAGGG GCATATTTTA TATATTGATG 180  
 10 AAATAAATAT GGCTAAACCT GAAACATTGC CTGTATTAAA TGGGGTCTTA GATTATCGTC 240  
 GTCAAATTAC GAATCCATAC ACTGGTGAAG TAATCAAAGC TGTACCAGGA TTTAACGTTA 300  
 TAGCAGCGAT AAATGAAGGT TATGTTGGTA CTTTGCCAAT GAATGAAGCA CTAAAAAAaT 360  
 15 CGCyTTGTTG TtaTTCACGT kGATTATaTT GATGGGGaCA TTTAAAAAAT GTGAnTAAGG 420  
 AGCAAGGTTT ATTACAAGAT GTTAA 445

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 702:

20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 752 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 25 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 702:

30 TGCAAGATAA ACAAATTTGT CATTGTTTTG GTTGTA AAAA AGGTGGCAAT GTTTTTCAAT 60  
 TTA CTCAAGA AATTAAAGAC ATATCATTG TTGAAGCGGT TAAAGAATTA GGTGATAGas 120  
 TTAATGTTGC TGTAGATATT GAGGCAACAC AATCTAACTC AAATGTTCAA ATTGCTTCKG 180  
 35 AyGATTTACA AATGATTGAA ATGCATGAGT TAATACAAGA ATTTTATTAT TACGCTTTAA 240  
 CAAAGACAGT CGAAGGCGAA CAAGCATTAA CGTACTTACA AGAACGTGGT TTTACAGATG 300  
 CGCTTATTAA AGAGCGAGGC ATTGGCTTTG CACCCGATAG CTCACATTTT TGTCATGATT 360  
 40 TTCTTCAAAA AAAGGGTTAC GATATTGAAT TAGCATATGA AGCCGGATTA TTATCACGTA 420  
 ACGAAGAAAA TTTCAGTTAT TACGATAGAT TTCGAAATCG TATTATGTTT CCTTTGAAAA 480  
 ATGCGCAAGG AAGAATTGTT GGATATTCAG GTCGAACATA TACCGGTCAA GAACCAAAT 540  
 45 ACTTAAATAG TCCTGAAACA CCTATCTTTC AAAAAAGAAA GTTGTTATAC AACTTAGATA 600  
 AAGCGCGTAA ATCAATTAGA AAATTAGATG AAATCGTaTT ACTAGAAGGT TTTATGGATG 660  
 TTATAAAATC TGATACTGCT GGCTTGAAAA ACGTTGTTGC AACAATGGGT ACACAGTTGT 720  
 50 CAGATGAACA TATTACTTTT ATACGAAAGT TA 752

55

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 830 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 703:

nCGTTTTTGT nAAACnGCTT ATATGTATAA CTTTTCCCAA TTTATCATAA GTTTTGATAG 60  
 AAGGAGTTGG ATCGCTAAAG AAAATATCTC TAAAGATATC ATCTTCAATG ATAGGAATAT 120  
 TATGTCtTTC GClATAAGTA ATTATATTTT TCTTTTGCTC ATTCGTTAAA GAACGACCTG 180  
 TCGGGTTATT AAACCTAGGT TCTATATAAA TCGCTTTATT TTTAAAATTA ATAAATCTAT 240  
 CAATGATGGT ATCAATTTCA TTAATTTGAT TATAAGGAAC ATCAATATGT CTAAAATTCA 300  
 ATTGCTCAAA AACATTTGTA GAGTGAATAT ATGATGGTGT ATTCGAAATT ATTATGGCAT 360  
 CTTGACCTAA AAACCCAATA GATAAAAGTT GAATGGCATG TAAAGCGCCT GAAGTGATCA 420  
 TTACATTTTC TCTACCTACA TTTATACCTT GCTTTGACAT TCGTTCAACG ATAATATCTC 480  
 TTAAC TTGAT ATAACCATAG CCATTATTAT AACCAAAGA TAAGTCTTCA ATATGACTGG 540  
 CTGTATTAGA CATGGCTTTT TTCAATTGAA TATGTGGCAT TAACGATATA CCAATTACAC 600  
 CTTTACTTAT ATGTATATAC GAATCATCTG TCTCAATTTT ATTAATTAAT TGCACCGTAT 660  
 ACTGACTTCT TTGTTGAGAG GACCATAACA TCATTTCAGA CCACTTATTT GTAATATGTG 720  
 CTTCAATCAA ATAGTCATTA ACATATGkTC CACTACCTAC TTTAGTATAG ATAAATCCTT 780  
 CAGCTTCTAA TAACTCAATA CTTTAAATAA TCGTTACTCT ATTTACGTTG 830

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 704:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 659 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 704:

AGTGGTGTTG GAAAAGCTAT TATGAAATTA TTACGTGAAC AACAAGTTTA ATAAAAAAG 60  
 AGGGGTCAAA TATGAAAGGA TTAATTATTA TTGGCAGTGC ACAAGTGAAT TCACATACAA 120  
 GTGCACTAGC AAGATACTTA ACTGAGCATT TTAAAACACA TGATATTGAA GCGGAAATAT 180  
 TCGATTTAGC AGAAAAACCG TTAAATCAAT TAGATTTTTC AGGAACAACA CCGTCTATTG 240

TATTAGGAAC GCCAAACTAT CATGGTTCAT ATTCTGGAAT ATTGAAAAAT GCATTAGATC 360  
 ATCTAAATAT GGATTATTTT AAAATGAAAC CTGTAGGCTT AATAGGAAAT AGTGGTGGTA 420  
 5 TTGTTAGTTC AGAGCCATTG TCACATTTAA GAGTAATCGT CAGAAGTTTA CTAGGCATTG 480  
 CTGTACCAAC TCAAATAGCA ACACATGATT CTGATTTTGC TAAAAATGAA GATGGTTCAT 540  
 ATTACTTAAA TGATAGTGAA TTCCAATTAC GAGCAAGATT ATTTGTTCGAT CAAATTGTAT 600  
 10 CTTTGTGAA TAATAGTCCA TATGAACATT TAAATAATA TTAANAATA TGTAAATnT 659

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 705:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 705:

nCACCATATA GTAACGGCA CCAACTACAT TACCGTCTTT TAAAAAGATT TTTTATAGT 60  
 25 TATTATCAAC ACTATTAAAT ATTTCAATAC CTTTAATTTT TGCATTTTCT ACAATTTGAC 120  
 CAGCACTATA CAAGTCACAC CCAGAACTT TTAATGACGT AAATGTTGTT GATCCCTTGT 180  
 ATCCGTTTCGT TTCTTTATTT GTTAAATGAT CAGCTAATAC TTTACCTTGT TCATATAGTG 240  
 30 GTGCAACGAG TCCATAAACT TTGCCGTTAT GTCTGCACAT TCACCAACTG CATATACATT 300  
 GCTATCACTT GTTTCATCA CATCATTGAC AACAATACCA CGATTACATC TAGACCTGAT 360  
 CTTGGCACTC CTGGGAAGGC GGAACCACTG CATACAACTA 400

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 706:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 380 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 706:

TTAAAAATAC AGCTACAGGT AATTTTAATG ATTTTTCATC AATATCAAAT TTGGGATTAT 60  
 45 GGTGTGGCGC TGTAATACCT TTAACCACTC AGAAAGAATG CACCTGGTCG TACTTTCAA 120  
 TAATGTGAAA AATCTTCTCC AATCATCATT AAATCTGATT CATTAAAGCG TACATGTAAG 180  
 50 TCATTGTTG CTTCTTAAAT AACTTGGATA TGCTTCTCG TTTATTATGG ACAGGCAAAT 240

GCTTAATCCA TTTTGTCAT ACATGATTCT GTATATCTGA AATCGAAAGT TCTnACTGTA 360  
 CCTTTACAAA ATGCCTTGnn 380

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 707:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 707:

CA<sub>n</sub>AAAGGAT CAAAGTGATC GGTATAGTGA TAATTAGCTC CAAAGAAAGA ATATTCTAAA 60  
 TCAAATCCAT ACCAAGCAGA AAGTATTAGC GAATATCAAT TTAAATGGTA CCGATTCAAA 120  
 TAAAGAAACA CGACATATAG AATTTTACT TGATGATTTT AGTGAATCAT ATGAACCAGG 180  
 AGATTGTATA GTAGCATTAC CGCAAAACGA CCCTGAATTG GTTGAAAAAC TAATATCCAT 240  
 GTTAGGTTGG GATCCGCAAT CTCCGGTGCC AATTAATGAT CATGGTGATA CAGTTCCTAT 300  
 TGTTGAAGCA CTAACATCAC ATTTTGAATT TACTAAATTA ACATTGCCAT TATTGAAAAA 360  
 TGCAGATATC TATTTTGACA ATGAAGAATT ATCTGA<sub>n</sub>CGT 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 708:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 447 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 708:

TAATGCTGGT ACGGGTCATG CAGCATTATG TGAGTTGAAC TACACAGTTT TACAACCTGA 60  
 TGGTTCTATC GACATCGAAA AAGCGAAAGT GATTAACGAA GAGTTTGAGA TTTCAAACA 120  
 ATTCTGGGGT CACTTAGTGA AAAGCGGTAG CATCGAGAAC CCAAGAGAAT TTATCAATCC 180  
 ATTACCACAC ATCAGTTATG TTAGAGGTAA AAACAATGTT AAATTCTTAA AAGATCGTTA 240  
 CGAAGCGATG AAAGCTTTCC CTATGTTCTGA TAATATCGAA TATACTGAAG ACATCGAAGT 300  
 AATGAAAAAA TGGATTCCAT TGATGATGAA AGGCCGTGAA GATAACCCTG GTATCATGGC 360  
 GGCAAGTAAA ATTGACGA<sub>r</sub>G GTmCAGATGt AAmCTyCGGT GAATTAACAC GTAAAATGGC 420  
 TAAAAGCATT GAAGCACATC CAAATGC 447



## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1448 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 709:

10	GTGTCTACCT GTTTTTGTTG TTCAATTGTT AACTTTTCTT TTTGAATAGT AGTATTCGAT	60
	AATTCTTTAT CGCTTATAAA ATCATCTAGT GGATGGCTTT CTTTGAAACT TTTATTTTCA	120
15	GTCATCAATC ATCTCTCCAA TAGTTGCTAT TTTACATCAA TCTTGATGAT GTTTTTGATG	180
	TAACTTATTT AATTCCATTT CAATATCTAA ACGTTCATAA TCATCTTCGT TGAGACGCTT	240
	TAAATCAGCG ATTAATGTTT GTTTGACCTC ATCCAAAGTA ATTCGTGTTT GTTCTAACTT	300
20	TTGCTGTTCA TTAATTGATT TTTTGGGCAT TTTTGCTAGA CGTGTATATG CATCAACCAA	360
	ATTTAAAGCA TTATCAATAT GAGAATAAAA AAAGCCTTCA ACTTTATAAA ATGATGCAGG	420
	TCTCTGTCTA ACTGTCGTAT AAATAGAACG TGAAATTTGG TATATATCAT TAATCTGCCT	480
25	AAAATCTTTA ATTGATCTTA TATTGACATA CGTTTTTAAA ATACCTCTAA GTTTTTGGTG	540
	TGTATGATTT AACTGATTTT GAATATAGCG ATAGTCTTTT CTAGTCAAAC CAATTCGTT	600
	TAAATATTTG CGTGAAGTGA GTTTTTGTAT CGGTAGGTAT GTCATTAAAA AGCCAACAAT	660
30	ACCAATAGAC ATATCAATTA AAAAAGATAC ATCAAGTGCA ATCATCCCAA ATATGCTTGT	720
	TAAAAACGCT ACAGGAATTC CCACTAACAC CCCAAATATA TGAGAAATAT TATATCTCAC	780
35	TGTCATCTTC CTTTATTTAG CATTFTATAT TGATCGAAAA TCCGATAATT TTTGATTTAG	840
	TTCTAACTCT TCAAGTTGAT GGCTTGTTAC ATTTGATGCT GGTGAGGCAC CTTCAATTAC	900
	ACCTTGAATA AATCTCTCTA TATCTGCGTC ATCCCCTTGT GCATATATCT CTACATAGTC	960
40	ATCTACATTT TGAACAGTAC CGACAATGTT ATAGTTCATT GCAATGCGTT GTGTAAAATA	1020
	TCTAAATCCG ACGCCTTGAA CGCGTCCGAA TACTTGTAAG TGTATATGtC TCaTTTTTAC	1080
	CACCTCATAA TGTTATTATA CGTAGTTTTA CTTAAAAAAA CTAATAATTA CTATAGTTAC	1140
45	TACTTTGTTT GTTTCAAGTC GTCAAACCTG ATTTTCAGAG GATAAAGGTA TAAAAATAAG	1200
	TATAGAGTTT TTGAAGTATG GAAGGGGTCT TTAATAATGT GGACAGTTAC CAAAATTAGA	1260
	GCCGATTATG AGGGATGGTG GTTATTCAGT GACTGGCCAG AAAACATTGT TGAAAAATAT	1320
50	CAATATCAAG ATTTTGATGA CATGTTTAAG CACTATCAAC AATTGATTAA TCAATGTAAA	1380
	GTTCAAGTTCG ATAACATGT CACAGGCAAA TATAATATTT ATGCATTTTA TAATAATTGT	1440

55

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 710:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 519 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 710:

GCTGnAAAAT ATGTTAGAAG CAGATGCATG GGCAAAGCTG GGGTCCTTAT TTATTGTCAG 60  
 GTAAAGATGT CTTCAATTCA ACTATTGGAA TATATGGTAT GGGAGATATT GGTAAAGCTT 120  
 TTGCAAGAAG GTTGCAAGGG TTTAATACTA ATATTCTTTA TCATAATCGA TCAAGACATA 180  
 AAGATGCAGA GCGGGACTTT AATGCAACAT ATGTTTCTTT TGAAACGTTG TTAGCAGAAA 240  
 GTGATTTTAT CATCTGTACA GCGCCACTTA CAAAAGAAAC ACATCATAAA TTTAATGCTG 300  
 AAGCATTGTA ACAAATGAAA AATGATGCAA TTTTATTAA TATCGGTAGA GGACAAATTG 360  
 TAGATGAAAC AGCATTAAATC GATGCACTAG ACAATAAAGA AATTTTAGCA TGTGGTTTAG 420  
 ATGTATTAGC AAATGaACCG ATTGATCaTA CACATCCATT aATGGGaCGT GaTAATGtTC 480  
 TGaTTaCACC aCACATTGGG TAGGCGCATT CAGTTAAcN 519

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 711:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1349 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 711:

CTATTACAGG TGGCGAACCA ATGTTTCTA AAAAGTCTAT TAGAAATGTT GTTAAACCTC 60  
 TATTAAAGTA TGCACATCAT CGAGGTATAT ATACACAAAT GAATTCAAAC CTAACATTGC 120  
 CTCAAGATCG TTATTTAGAT ATTGCTGAAT ATATCGATGT TATGCATATC TCACACAACT 180  
 GGGGAACAAC TGATGAATTC GCAAATGTTG GCTTTGGCGC AATGAAGAAG CAACCACCGT 240  
 TAAAAGCTAA GTTAAAATTA TATGAACAAA TGATTTTCGAA TGCACGTACA TTATCAGAAC 300  
 AAGGAATGTT TGTATCTGCG GAAACAATGC TCAATCAAAG TACGCTACCA CATTTACGAA 360  
 AAATACATCA AGAAGTCGTT CATGATATGA AATGTAGCAG ACACGAGATT CACCCTATGT 420  
 ATCCAGCTGA CTTTGCAAGT CAATTAAATG TGTAACTCT AGCGGAAATG AAAAAGACAA 480

TGTTCATG CTTAAAGGAT GATGAAGATC AAAAGTTACT ATCACGTTTA AGAAATGCTA 600  
 AAAATGTAAC GACTAGAAAT GACCCGGATG GCCGTAGTCG TTAAATGTC AATGTATTTA 660  
 5 CAGGTAATGT AATCGTAACT GATTTCCGAG ATGAAACAGG TACAATTTTCG AATATACAAA 720  
 AAGATAAATT AACAGATGTA TTTGATAAAT GGTTATCCTC TGATCTTGCT AAATCATTA 780  
 ATTGTCATTG TTCCGAGTTT AGTTGTTTAG GGCCAAATGT TCTTGTTAAA AATATGTACT 840  
 10 ATCCGAATAT GGATTTTAAA GATAATGAGC GTCATATGCA CAAACAACCA CAAATTATAC 900  
 AATTTTAAAA ACTCTTAATT ATGCGGAGAA GCACTTTATC GATAAGTAGT CTCCGCATAT 960  
 TTTAATGCTA TTATAAAATA AAAACAATT AATTGCTGGC AGTACTCTAC TTAAATAATA 1020  
 15 AAGGGCATT AATAGGACTA ATAGTCTATA ATAAAAGGGG TAAATTTTAA CTAAAAGCAT 1080  
 AAACGTGCAT AATCAAAAAG ACAGATTGTA GGTGGAATAT TCGAaCATAA CAGTTCAATT 1140  
 20 CATCCTTAAC AATCTGTCTT TATATTTTTA GTCTCTAATA TGTTGCACTT GAGCTAAATA 1200  
 TTCAATTGTT gTTTACTTtC AaTGCGaCGt GCTTtCTtC GTtCAaCaCG TgwGGTGCTG 1260  
 TATCATAAAA CCATTTTTCa ACATCATCTT CTGGATATAC ACCAGGTACA TGTTTAGGTT 1320  
 25 GCCTTCATCA TCTAACGCAA CAAATGTAA 1349

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 712:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 30 (A) LENGTH: 377 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

35 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 712:

GAAATTAAAA AAGCAATTGG ACAAGATGCA ACAGTGTCAT TGTTTGATGA ATTTGATAAA 60  
 40 AAATTATACA CTTACGGCGA TAACTGGGGT CGTGCTGGAG AAGTATTATA TCAAGCATT 120  
 GGTTTGAAAA TGCAACCAGA ACAACAAAAG TTAAGTCCCA AAAnCAGGTh GGCCTGAATG 180  
 GAACCAGGAG GAAnTTGAAA ATATGCTGGG GATTACATTG TGAGTACAAG TGAAGGTAAA 240  
 45 CCTACACCAG GATACGAATC AACAAACATG TGGAAGAATT TGAAAGCTAC TAAAGAAGGA 300  
 CATATTGTTA AAGTTGATGC TGGTACATAC TGGTACAACG TCCTTATACA TTAGATTTCa 360  
 TCGGTAAAGA TTAAAA 377

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 713:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 528 base pairs

55

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 713:

	AATGAAnCGA AAAATGACTA TAAAAAGTTT AAAGTGTTTT CACTTATTTT AACACTTGTC	60
10	ATTGTCATTT TAGCAATTAT AAGATTGTT CATAAAATGA TGTAATTAGA GTGAGACATT	120
	GTTTTATGTC TCAGGATCCA GTTATTCATT ATATCTACAA TATTTACGAT TATATAAATA	180
	ACCCGAGATT TTAGTATGAT TCATTtCACT AAAATCTCGG GTTCTATTT GATAATTTTT	240
15	AATGGGATAT GGCATGTATA CGTTCTTGCC TTTTATCTCA TTTCCAATGA TTAATCTGGA	300
	TATTGTTCTA AAAATGCITT CGCTTCTTTA TTAAGTGT TAAAATCAAT ACCTTGTTGC	360
	ATCGCTGCAA AGACACATCC ACAATAACAC TGCCTAAAGA TATTATAGTC ATTACACATT	420
20	TCTATGGaAC GCTCATAACC TTTACTTTTC yTAAATCAC TTGGcAAATA GTTCACaTCG	480
	TATATTTTTT GGACATCCAT ACCAAGTTCA TTGATTAATT GTGCGTTC	528

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 714:

25

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 731 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

30

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 714:

35	TTTAATGGCA TGAAGTCACA GTATATAAAG AATCTGGTGT GACAATCAGT ATGACTAAGT	60
	ATATAAAAAA AGAGCAGGTG cGAAATAATG GCGAAAGAGT CGAAATCAGC TAATGAAATT	120
	TCACCTGAGC AAATTAACCA ATGGATTAAA GAACACCAAG AAAATAAGAA TACAGATGCA	180
40	CAGGATAAGT TAGTTAAACA TTACCAAAAA CTAATTGAGT CATTGGCATA TAAATATTCT	240
	AAAGGACAAT CACATCACGA AGATTTAGTT CAAGTTGGTA TGGTTGGTTT AATAGGTGCC	300
	ATAAATAGAT TCGATATGTC CTTTGAACGG AAGTTTGAAG CCTTTTtagT ACCTACTGTA	360
45	ATCGGTGAAA TCAAAAGATA TCTACGAGAT AAAACTTGGA GTGTACATGT TCCGAGACGT	420
	ATTAAAGAAA TTGGGCCAAG AATCAAAAAA GTGAGCGATG AACTAACCGC TGaATTaGaG	480
	cGTTcACyTT CTATcAGTGA AATAGCTGAT CGATTAGAAG TCTCAGAAGA AGAAGTGTTA	540
50	GAAGCAATGG AAATGGGACA AAGTTATAAT GCGTTAAGTG TTGATCATT CATTGAAGCT	600
	GATAAAGATG GTTCAACTGT TACGCTATTA GATATTATGG GGCAACAAGA TGACCnTTAT	660

55

CGAGAAATCA T

731

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 715:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 830 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 715:

TTTTAGrGGa	AAGCGaATTA	GtCaTATwCg	CaGCAGATwG	aATGATTGaA	AAmGaAATTG	60
aTTCGATTCC	AATTGTAAGA	AAAAAAGATA	ATCAAAAGTA	TGAAGTAATT	GGAAGAATTT	120
CCAAAACAAC	AATAGCTAAG	TTATTAGTAG	CATTATATAA	AGAATAGGTG	AGAAGTAATG	180
GAAAAAATTA	AAATTATCGT	AGCTTCAGAT	TCTATAGGTG	AAACGGCAGA	GTTAGTTGCT	240
AGGGCAGGTA	TTTCACAATT	CAATCCTAAG	CAATGTAAAA	ATGAATTATT	AAGATATCCA	300
TATATTGAAT	CTTTTGAAGA	TGTTGATGAA	GTGATTCAAG	TTGCAAAAGA	TACAAATGCT	360
ATCATTGTTT	ATACACTTAT	TAAACCTGAA	ATGAAGCAAT	ATATGAGTGA	GAAAGTAGCA	420
GAATTCCAAT	TGAAGTCTGT	CGATATCATG	GGGCCATTAA	TGGATTTATT	ATCTGCTTCG	480
GTTGAAGAAA	AACCTTATAA	TGAGCCAGGT	ATCGTTCATA	GATTAGATGA	TGCATATTTT	540
AAGAAAATTG	ATGCGATAGA	GTTTGCAGTT	AAATATGATG	ATGGTAAAGA	TCCTAAAGGA	600
TTACCTAAAG	CTGATATTGT	TTTACTTGGT	ATTTCGAGAA	CTTCAAAGAC	ACCATTATCT	660
CAGTATTTAG	CGCATAAGAG	TTACAAAGTT	ATGAATGTAC	CGATTGTACC	AGAAaGTGAC	720
ACCGCCAGAT	GGCTTATATg	GATATTAATC	CAAAGAAATG	TATCGCACTT	AAAATAAGTG	780
AAGAnAAATT	AAATCGCATT	AGAnAAGAGC	GACTAAAACA	ATTAnGACTA		830

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 716:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1159 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 716:

nGAAGAACAA	GTTTAnCATC	TAAATGCCCC	TTTAAACTA	CAACTACTTG	ACGATGTTAA	60
ATCAGTGTTT	AAnTCTCAAA	TGACGCAAAA	TAGTGATTTT	AATGAAGAAA	AGAAAGTGTC	120

	AGAACGTATA AAAAAATACT TTAATAAGCA ACTCACTGAG CAAATTGCAC CAATCGTTCA	240
	ACAATTAGCA GATTTACATG TCATTATTAA TCCTCAGTTT AACTTTGAAT CAGCTAATAT	300
5	AGAGCAACCA TTATTGCACA TCGATTTCAA CGATATGCTA AATGCATTGC CTAAACAATT	360
	AACAAAACGT AAAATTTTGA ATCCAAATGG GCAAAGAGAT ATACATGAAT CAATTTGTCA	420
	AAGTACGTTA GGATTATTAC AACCACAAAT GGGATTATTG AGGCAACAGC TTGAATTATA	480
10	TGTAAAGCAA ATGGCTGTAG AAGCTGAATC GCAATTTGAA AGTTTTGAAG CTAATATTCA	540
	AACGCAAATA AACGATTTAT TAGCATTTGA TTTAGATACA ACACTTATCA ATCAATTGAA	600
	AGATAAACAT CAACAACCTGA AAACCTATTTT ATATTAAGAA AGAAGGAACG TTTTAAATGC	660
15	CTAATAAAAT ATTACTTGTA GATGGTATGG CGCTATTATT TAGACATTTT TATGCTACAA	720
	GTCTTCATAA ACAATTTATG TACAATTCAC AAGGTGAACC TACAAATGGA ATACAAGGAT	780
20	TTGTGCGTCA TATCTTTTCG GCAATACATG AAATACGCCC TACACATGTA GCTGTATGTT	840
	GGGATATGGG ACAATCAACT TTTAGAAATG ATATGTTTGA TGGTTATAAG CAAAACGTT	900
	CTGCACCACC AGAAGAATTG ATACCACAAT TTGATTATGT TAAAGAAATT TCAGAGCAAT	960
25	TTGGCTTTGT AAATATTGGC GTTAAAACT ATGAAGCGGA TGATGTTATA GGTACATTAG	1020
	CACAACAATA TTCAACTGAT AACGATGTCT ATATTATTAC GGGCGACAAA GATTTACTGC	1080
	AATGTATTAA TGACAATGTT GAAGTTGGCT AATTAAAAA GGTTTAACAT TTATAATAGA	1140
30	TATnCATTTAC ATCGTTTTn	1159

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 717:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- |    |                            |
|----|----------------------------|
| 35 | (A) LENGTH: 574 base pairs |
|    | (B) TYPE: nucleic acid     |
|    | (C) STRANDEDNESS: double   |
|    | (D) TOPOLOGY: linear       |

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 717:

	GATTTAATCA ATGCAGTTGC AGAGCAAGCT GATTTAACTA AAAAAGAAGC TGGTTCAGCA	60
45	GTAGATGCTG TATTCGAATC AATCCAAAAC TCACTTGCTA AAGGTGAAAA AGTACAATTA	120
	ATTGGTTTCG GTAACCTTGA GGTACGTGAA CGTGCTGCAC GTAAAGGTCG TAACCCTCAA	180
	ACTGGTAAAG AAATTGATAT CCCAGCAAGT AAAGTTCCAG CATTCAAAGC TGGTAAAGCA	240
50	TTAAAAGATG CTGTAAAATA ATTTTACTTA AAAAGCCCTG AATAAGGGCT TTTTATTTTG	300
	CTTTTAATAC TTACAACCTG TACATAAATT GTAATGTTCT TCTAAGTTTT TAATCTTTGG	360

55



AACTACAAAA TATACATATG aATATTGaGa TTAATTGTTA GCGTTGaATT TACTTAAAAG 480  
 GTAACCATGT CTACTATAGT ATTTTACGTT ATTTAAAAAG ATGAATAATG TAAATGAAGT 540  
 5 AAAGGTTATT ATGAGAATTA CAAAAGCTAC ATAA 574

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 718:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 10 (A) LENGTH: 493 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 718:

15 AAGaTATTGA AAmTGmAaTG GaGCACGCCC TTATTTGATA GAAGTAAAAG ACATTTAATT 60  
 20 CTTACCGATG CAGGTCAAAT TTTTATGAG AAAAGTAAAG AAATTGTtGC ACTGTATGAT 120  
 TATTTACCAT CTGAAATGGA ACGCTTGAAT GGACTGGAAA CAGGACATAT AAACATGGGC 180  
 ATGTCGGCAG TCATGAATAT GAAGATTCTT ATCAATATTC TTGGTGCATT CCATCAACAA 240  
 25 TATCCAAATG TTACATATAA TTTGATAGAA AATGGCGGTA AAACAATTGA ACAGCAAATT 300  
 ATCAATGATG AAGTAGATAT AGGCGTGACC ACTTTGCCAG TCGATCATCA TATTTTCGAT 360  
 TATACTACCC TAGATAAGGA AGATTTGCGA CTTATCGTGA GCAGAGAGCA TCGACTCGCA 420  
 30 AAATATGAAA CTGTTAAACT CGAAGATTTA GCAGGTGAAG ACTTCATTTT ATTTAATAAA 480  
 GACTTTTACT TGA 493

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 719:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 35 (A) LENGTH: 1257 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 40 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 719:

45 GCATTGCCAA AACAATACGT TTATATTATT GAGGAACTAC TGTATAAAAG TAATGAATAT 60  
 CAAAATAAAA AATCATATTA CGAAACACTT GTTAACCAAG TAATTGAACT TAAACAGGCA 120  
 GATGATTTAA TTATTGGACT CGCTTATTCC GTACAACGCT TAGTCGTCGA TCATTTACAC 180  
 50 GTTGTCGGTG ATATTTATGA TCGTGACCA CAACCAGATA AAATTATGGA TACTGTGATT 240  
 AATTATCATT CCCTAGATAT TCAATGGGGT AATCATGATG TGCTTTGGGT TGGAGCCTAT 300

55

GATATTATCG AAGACGCTTA TGGCATTAAAT TTAAGACCAC TGCTTACTTT AGCTGAAAAA 420  
TACTATGACG CAGATAATCC TGCTTTTAAG CCTAAAAAAA GACCTGACAA ACACGAACGT 480  
5 TTAACCTAAC GTGAAGAAAG TCAAATTACT AAAATTCATC AAGCTATTGC GATGATTCAA 540  
TTCAAGTTAG AAATACCAAT TATTAAACGT CGTCCAAATT TCGAAATGGA AGAACGTCTT 600  
GTGCTTGAAA AGGTTAATTA TGATACAAAT GAAATTACAG TTTATGGTAA TACATACCCA 660  
10 TTGAAAGACA CATGTTTCCA AACTGTCAAT CGTGATAATC CAGCAGAATT ACTACCTGAA 720  
GAAGAAGAAG TCATGAATAA ACTATTATTG TCATTCCAAC AATCTGAAAA ATTACGTCGT 780  
CATATGTCTT TCTTGATGCG TAAAGGCTCT CTTTACTTAC CATATAATGG CAATTTACTC 840  
15 ATTCATGGTT GTATTCCAGT TGATGAAAAT GGTGAGATGG AATCATTTGA AATTGATGGT 900  
CATACTTACA GCGGCCAAGA ATTATTAGAT GTGTTTGAGT ATCATGTCCG TAAATCATT 960  
20 GATGAAAAAG AAAATACTGA TGAATTATCG ACGGATTTAG TTTGGTATTT ATGGACTGGG 1020  
AAATATTCGT CACTATTTGG TAAACGTGCC ATGACTACGT TTGAGCGATA CTTTATTGCA 1080  
GATAAAGCTT CTCATAAAGA AGAAAAGAAT CCGTACTATC aTCTTCGTGA AGATGTGaAT 1140  
25 ATGGkTCGTA AAATGCTCaG TGaTTTCGGA TTAAATCCAG ATGAAGGACG CATTATTAAT 1200  
GGTCACACAC CAGTGAAAGA AATCAATGGC GAGATCCTAT CAAGGCTGAT GGAAAGA 1257

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 720:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 400 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 720:

40 TGAGCACATG ACAGTGGCTG AAAACATTAA ATTTTTTAAA TCACTTTGTA AAAATCCAAT 60  
TAACGATACA ACTATCAACG AATATTTACA GCAATTAAAC TTTGATGATA CGTCTGCCAA 120  
AGTATCTACA TTGTCCGGTG GGAATAAACG TAAATTAAT ATATTAGTAG GTTTACTAGG 180  
45 TCAACCTCGA ATTCTCATTT TAGATGAACC GACAGTTGGT ATTGATTTAA AATCTAGACA 240  
TGACATCCAC CAACTACTTA ACATCATGAA ATCTAAATGT TTAATTATAT TAACTACCCA 300  
TCATTTAGAT GAAGTTGAGG CACTTGCAGA TGGTTATCAA GTTAATTGGG CCAGGTnCCC 360  
50 TTTTnTTCAA CAGTTTTTGG GGGCCAACCA TGGGCTTATA 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 721:

(A) LENGTH: 570 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 721:

10	CTTATTTATA TTATAATATA AATATTTTAT TTTTCAATAC TTAATTTTAA AAATCCCCTA	60
	TGAAAATGTT GATGAGCTAC ATCTTTAAAT CTTATTATAC ATTGTATAAA ATTATATTGC	120
	GAGGTAGTAA ATTGATATTA TACACTTTTG GTTGTGTATG CATCTCACCT ATCTTTTTTG	180
15	CTTTTTTCAA ATAAGAAAGT ATTAAAAATy AATGCCTATA CAGGAACAGA CATGGCTAAA	240
	CTTGATTTAA ATAGTCTTGA CGACGAGCAC GTAAAATTAT TAATAAATGA ATTAAAATAT	300
	CCAGAACTC ATATCGATGT AAATGAATTA AAAACAATAG TTGCTAGTCG AATAAATGAA	360
20	AGGCAAGAAA TAATAAGTTT TAAGTTAGGA ATAAAGTACT TATTAACAAT AAAAAGAGGG	420
	AACATAGAAA AAGATAGGTT TTCAATTTCA ATCATTTTCA AAGATACCTA TCACACCCTA	480
25	GTTAGAATAG ATATTAACGG TGGTACTCAC GATAATCCAG ATGGAACAAT CGCTCCGAAA	540
	AGTCATATTC ACATATATAA TGATAAGTAT	570

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 722:

30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

35

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 722:

40	ATTTTAGTCT TAGGTGTTGA TTGCATGATG AATGCAGAAG TTATACCTGC AGCCATATTA	60
	GCACCTTCAT TATTGTGTAT AATTGAATA TTATTTGCTT TTAAAGTATG TCCAATTAAG	120
	TTTGAAGTCG TTGTTTTACC ATTTGTTCCA CTGATAAATA CAATATCATC AACTTGCTCT	180
45	GCTAATTTTC TTAATATATC TGTATCCACT TTTCTAGCGA TTTGTCCAGG TAAATCTGTT	240
	CCTCTTTTAC CTAAGTCTCT ACTTGCTTTA CGCGCCAATT TCGCTAGATG GATTGCCGTC	300
	CACTGTCTCA TGTGTTTCCT CCTCAAATTT CCACTCGCAT CATTATAACA TGACAAGGCA	360
50	ACTTCAAAAA AGTTTCTCAA TCACAAATnG ATACCAAGTGT	400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 723:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1113 base pairs

55

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 723:

	GATTATATGC TGTGGCAA ACAATATACC CAGATGAATT TTTATTTTTA GTAATAGTAT	60
10	AACCATGCTT TGTCTTACTA ACTTTGACAG CTTCTAATGA ATTTGAAGCG TCTTTAAGCG	120
	TGGTATAATC TTCGCCGTAT ATCCCTTTTA AATTTACTCG ATACTTACCT TTAGGCAATG	180
	ATAATCTAAT TCTATCTGGA GCTTTAATGC GTATCGTTAC GGGTGTTACA ACGCGTCGAT	240
15	ATTTATAAGT GAGTTTATTT CTTTCTTG TG TATATTCATT CACTTTAACA TCATGAGCTT	300
	TATCCGGCGA AAGTAATTCT AAATCCATTT CAAAATACAA ATCTTTAAAT TGATTAGAAA	360
	CTGATTTTGG CAACTGTACA GTTAGACCAC CATTATTTTG TTAACTTGT AATAAATGTT	420
20	TTGTAGGAGA TTGCCAGGCT GCACTATTTA ATTTAATTGT TGAATCTGAT AGTAAATTTT	480
	TATTGGCTTT AAAATGTGTA TTAACATCTT TAATATTGTT AGAAACAATC CCTTGCAACA	540
	TTGCTTGTTT TTTATCTAAT GGAGATTTTA ATTCTTTATT GGAAAAGACC TTATTTGTAA	600
25	TATGTGCACT TGGATAATGG ATGGTATTTT TAGAATGAAT CCAACGAACCT TTATTGTCTT	660
	TGTGTTTCTG CTTAATTTTA AATCCATATG GtAAGTTGTC ATCATGATtC ACTCTAATTC	720
30	GATCATTAAAC ATTCCAAAGT GATAGTaAAT TTgACGATgC CAAGTAATCT ATAAGTGCTG	780
	TTTTTATCGA TTGGCATATT AATTGAGT GTCTTGTCAT AATATTTTAA AATGTCTCCA	840
	TTAAAAATAC TAGAATATAA TGAAATGCCA TTATAATGAT ATATAAATGG TGAATTTAAT	900
35	GCATAGTCTG ACATATAATC AATGCGATTA AATGAGCCTG TTGCATTTTG ATTTATCTTT	960
	TTTATAAGCT GGTTTACATA GTTACTATGG TAATCATGTT GTTTCAACGT TGATAATGAT	1020
	TGTTGATAAG GTTTGATTGC CATGTTTTTG TTGTTATCTA AAATGACGAT TTGTTGAATC	1080
40	ATaACGATTA ATACTAATAT TGCAACGGTT AAT	1113

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 724:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

45

(A) LENGTH: 464 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 724:

	TGCCGTTTAG CAAAATCTAG TATCGCTTGA TGATCAGATT CTGAAATTTT AGTGTGTACT	60
--	---	----

55

GATTGATTAA GTTTATATGC AAGTGCATGT TCTCGTCCAC CAGCACCAAT TACTAATACA 180  
 TTCATTTATG TTACGCCCCCT TTAAAATTAG TGTTTAAAT GTCGAGTGCC TGTGACTACC 240  
 5 ATTGCAATAC CATGTTTATT AGCCATATCA ATTGAATCTT GATCTTTAAT CGAACCACCC 300  
 GGTGGATAA TTGCCTTTAT ACCATGTTGT GCTGCAAGTT CAACTGTATC TCCCATAGGG 360  
 AAAAATCCAT CAGATACTAA CGGCTACATG ATCATTGATT TCAATAGCTC TCTCTAACGC 420  
 10 AATTTTAGCA GCACCGACAC GATTCATTGG CCAGCAnCTA TACC 464

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 725:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1440 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 725:

GTTAAATnCA nTATTTnAAA TaTATTACCT TATTAGAAAA AGTCGTAATA TGAGGTGTAC 60  
 25 AAATGACGCA AATTTTAATA GTAGAAGATG AACAAAACCTT AGCAAGATTT CTTGAATTGG 120  
 AACTCACACA TGAAAATTAC AATGTGGACA CAGAGTATGA TGGACAAGAC GGTTTAGATA 180  
 AAGCGCTTAG CCATTACTAT GATTTAATCA TATTAGATTT AATGTTGCCG TCAATTAATG 240  
 30 GCTTAGAAAT TTGTCGCAAA ATTAGACAAC AACAACTCTAC ACCTATCATT ATAATTACAG 300  
 CGAAAAGTGA TACGTATGAC AAAGTTGCTG GGCTTGATTA CGGTGCAGAC GATTATATAG 360  
 TTAAGCCGTT TGATATTGAA GAACTTTtag CAAGAATTCG TGCAATTTTA CGTCGTCAGC 420  
 35 CACAAAAGGA TATTATCGAT GTCAACGGTA TTACAATTGA TAAGAACGCT TTTAAAGTGA 480  
 CGGTAAATGG CGCAGAAATT GAaTTAACAA AAACAGAGTA TGATTTACTA TATCTTCTAG 540  
 CTGAAAATAA AAACCATGTT ATGCAACGGG AACAAATTTT AAATCATGTA TGGGGTTATA 600  
 40 ATAGTGAAGT AGAAACAAAT GTCGTAGATG TTTATATAAG rTATTTACGA AACAAAGTTAA 660  
 AACCATACGA TCGTGACAAA ATGATTGAAA CAGTTCGTGG CGTTGGGTAT GTGATACGAT 720  
 45 GACAAAACGT AAATTGCGCA ATAACCTGGAT TATTGTTACC ACGATGATTA CGTTTGTCAC 780  
 GATATTTTTG TTTTGTTTAA TTATTATTTT TTTCTTGAAA GATACACTGC ATAATAGTGA 840  
 GCTTGATGAT GCaGAACGAA GCTCaAGCGA TATTAATAAt TTATTTCaTT CTAAGCCTGT 900  
 50 TAAAgATATA TCTGCaTTAG ACTTGAATGC aTCTTTAgGT AAtTTTCaAG AGATAATTAT 960  
 TTATGATGAG CATAATAATA AATTATTGA GACATCGAAT GATAACACAG TGAGAGTTGA 1020

ATATTTAATT ATTAAAGAAC CAATTACAAC GCAAGATTTC AAAGGGTATA GCTTGTTAAT 1140  
 TCATTCACTA GAAAATTATG ATAACATCGT AAAATCATTG TATATCATTG CGCTGGCATT 1200  
 5 TGGAGTGATT GCAACAATTA TAACTGCCAC AATCAGTTAT GTATTTTCAA CACAAATTAC 1260  
 TAAACCGCTT GTCAGTTTAT CAAATAAAAT GATTGAGATT CGACGAGATG GTTTTCAAAA 1320  
 TAAATTGCAA TTAAATACAA ATTATGAAGA AATAGATAAT TTAGCAAATA CGTTTAATGA 1380  
 10 GATGATGAGC CAAATTGAAG AATCATTTAA TCAACAAAGA CAATTTGTTG AAGATGCGTC 1440

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 726:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 375 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 726:

TGATATTCCG ACTTGCGAGG ATTATTGCGC ATTAAGGATT AACGCAGTAT GAGTCCAAAG 60  
 25 ACGCGCGACA CCTGGAAAAA GGATTACCTA ATGCCTTATT TACAGTAACC TTGTATGATA 120  
 AAGATCGGTT AATTGGTATG GGTAGAGTGA TTGGCGATGG CGGAAGTGT TTTCAAATTG 180  
 TTGATATTGC AGTTTGTAAA AGTTACCAAG GTCAAGGTTA CGGCATCTAA TTATGGAGCA 240  
 30 TATTATGCAA TATATTAAAG GTGTGGCTGT TGAGAGTACA TACGTTATCT GATTGGCAGA 300  
 CTACCCAGCG GGnTAAATTA TATACCAAAT TTGGGTTTnA TACCTACCGA ACCAGAnTCC 360  
 AGGCGGTGAT GTATG 375

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 727:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 471 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 727:

TAAAAAATT AGAGATGAAA ATCATATTAT TTATCTGTTT TTGGGACAAT TTTTACTAA 60  
 AAATGAAGAT CCATGGCATC AAATACTTAA TGATTTAGAA GTTACAAATT CTGTTGATAA 120  
 50 TTTTTTAAGG TCAATAAGTA ATAAGGCCAA AGAAACAAAA AAAAGAGCTT TTATTATTAT 180  
 TGATGCGCTT AATGAAGGTG AAGGTAAAAG GTTATGGGGA AATTATTTTC AAAGCTTTAT 240



AGATGTTATA TTACCCAAAA ACGCAATACA AGATAACAAT ATTGTAGTAT TTCAGCATGA 360  
 AGGTTTTAGT AAGGAAGAAA ACTATAATCC AATTGTATCT TTTGTGATT TTTATGGATT 420  
 5 AGAGCTACCT AAGTTACCTA TATTAAATCC AGAATTCAAC AATCCATTAT T 471

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 728:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

10 (A) LENGTH: 1750 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

15 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 728:

TAGGATGTTT CACCCTgGCA ATTGcTCTAA GACATCtACa GCAGTAGAAT ayCCTGTTTT 60  
 20 CGTctTTTTA ATAACAGGTA ATTGTAATGT CTCAAACAAT ACAACACCTA ATTGCTTAGG 120  
 AGAATTTATA TTAAAATCTT CACCAGCTGC ATCATGGATA TTTCGAATCA AGACGTCTAA 180  
 TTTTCTTGA ATTTCTTTTT CCATTTCTTC TAAATCATGA ACATCTGTAA ATATACCAAT 240  
 25 TTCTTCCATT TCACTTAAAA TCTTAGCTAG CGGTAGCTCT AAATCAGCCA AGAGTTCTAC 300  
 CTGATTGTAT TCTTCTAATT GTTTATCCAT ATTTGGTTTC GCAAAGTAAA TTGCATCAGT 360  
 AATAGAAGCA ACATATGGAT TTAAAACATC ATCTTCAGGT ACCTTAAATT TCTTACCTTT 420  
 30 TCCATATATA CTCACATCGT CTTTCACAAA ACTTTGACCG TACAATGAAA CAACTGATTG 480  
 AACATCACTA ATCGTACGAG ATGGATCAAT TATATAACTG GCCAACATAA TATCGAAAGA 540  
 AATATTTTGA ATATCAATCC CCAATCTATG TGATGCTACA TATGTTTTTT TAGCATCATA 600  
 35 TACGACTTTT TTCGAATTCG GATTTTCTAA CCATGAAACT AGTTCGACAT AATTATTTAT 660  
 GTCATCCGCA TTAATTACAA TATGTTTCTC ACCTGtAAAT aaAGAGAATT TTAAAAtATT 720  
 40 ATTtCGCAAA TAGtTACCAC CGtCTAATTC GAAATGGATG GCCGCTTCTT TcAATGAAGT 780  
 AAAATCcAAT ATTATCAAAA GACGTTTCcA ATTTCAAATG TCTTtTCTAT TGCATCTTCA 840  
 ACGcTtGCTG ATTGaTCAAT GTCAGCCAAC AATTGTTTGA ATTCTAACTT CTTAAACAAT 900  
 45 TCGATTTTTT CTGTTGTTC ATCTtGAkGA GTCATTAACG TATCTTCaAG TTTTACTTCa 960  
 ATCGGACTAT CTACATTAAt CGTTGCTAAT TCTTTACTCA TTAATGCATC TTCTTTGCTA 1020  
 TTTTGAAGTT TTTCTTTTAA CTTTTTACCT GAAATTTTCA CTAAATGTTC ATAGACACCT 1080  
 50 TCTACTGTGT CAAATTGGTT TAGCAATTTT ATTGCTGTTT TCTCTCCAAC ACCTGCAACA 1140  
 CCTGGTATAT TATCAGAAGT ATCTCCCAT TATCCTTTCA TATCAATAAT TTGATTAGGT 1200

55